



①9 BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT

⑫ Off nlegungsschrift
⑩ DE 198 40 771 A 1

⑳ Aktenzeichen: 198 40 771.8
㉔ Anmeldetag: 7. 9. 1998
㉕ Offenlegungstag: 10. 2. 2000

㉙ Int. Cl. 7:
C 12 N 9/12
C 07 K 19/00
C 12 P 19/34
C 12 N 15/62
C 12 N 15/63
C 12 Q 1/68

B11

DE 198 40 771 A 1

⑥⑥ Innere Priorität:
198 35 653. 6 06. 08. 1998
⑦① Anmelder:
Lion Bioscience AG, 69120 Heidelberg, DE
⑦④ Vertreter:
BOEHMERT & BOEHMERT, 28209 Bremen

⑦② Erfinder:
Voss, Hartmut, Dr., 69221 Dossenheim, DE;
Moeckel, Gerd, Dr., 68723 Oftersheim, DE; Kober,
Ingo, Dr., 69251 Gaiberg, DE; Kilger, Christian, Dr.,
69121 Heidelberg, DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

- ⑤④ Thermostabiler in vitro-Komplex mit Polymeraseaktivität
⑤⑦ Ein erfindungsgemäßer thermostabiler in vitro-Komplex zur Template-abhängigen Elongation von Nukleinsäuren umfaßt ein thermostabiles Gleitklammerprotein, welches mit einem thermostabilen Polymeraseaktivität aufweisenden Elongationsprotein verbunden ist. Ein erfindungsgemäßer thermostabiler akzessorischer in vitro-Komplex enthält ein Gleitklammerprotein und ein Kopplungsprotein und kann mit geeigneten Polymerasen kombiniert werden. Die erfindungsgemäßen in vitro-Komplexe können in Verfahren zur Template-abhängigen Elongation von Nukleinsäuren, insbesondere z. B. der PCR-Reaktion, eingesetzt werden. Entsprechende Reagenzienkits werden ebenfalls beschrieben.

DE 198 40 771 A 1

Die Erfindung betrifft einen thermostabilen in vitro-Komplex zur Template-abhängigen Elongation von Nukleinsäuren, einen thermostabilen prokaryontischen akzessorischen in vitro Komplex sowie dafür codierende DNA-Sequenzen und Vektoren. Die Erfindung betrifft weiterhin die Verwendung der erfindungsgemäßen Komplexe in Verfahren zur Template-abhängigen Elongation von Nukleinsäuren, wie PCR-Reaktionen oder der DNA Sequenzierung, bei denen in vitro Template-abhängige DNA Strangsynthese erfolgt. Schließlich betrifft die Erfindung noch Reagenzienkits zur Durchführung der erfindungsgemäßen Verfahren.

DNA Polymerasen gehören zu einer Gruppe von Enzymen, die einzelsträngige DNA als Template für die Synthese eines komplementären DNA Stranges verwenden. Diese Enzyme spielen eine bedeutende Rolle im Nukleinsäurestoffwechsel, einschließlich der Prozesse DNA Replikation, Reparatur und Rekombination. DNA Polymerasen wurden in allen zellulären Organismen identifiziert, von bakteriellen bis zu menschlichen Zellen, in vielen Viren sowie in Bakteriophagen (Kornberg, A. & Baker, T. A. (1991) DNA Replikation WH Freeman, New York, NY). Man faßt in der Regel die Archaeobakterien und die Eubakterien zusammen zu der Gruppe der Prokaryonten, der Organismen ohne echtem Zellkern, und stellt ihnen die Eukaryonten, die Organismen mit echtem Zellkern, gegenüber. Gemeinsam sind vielen Polymerasen aus den verschiedensten Organismen oftmals Ähnlichkeiten in der Aminosäuresequenz sowie Ähnlichkeiten in der Struktur (Wang, J., Sattar, A.K.M.A.; Wang, C.C., Karam, J.D., Konigsberg, W.H. & Steitz, T.A. (1997) Crystal Structure of pol a family replication DNA polymerase from bacteriophage RB69. Cell 89, 1087-1099). Organismen wie der Mensch besitzen eine Vielzahl von DNA abhängigen Polymerasen, von denen jedoch nicht alle für die DNA Replikation zuständig sind, sondern einige auch DNA Reparatur durchführen. Replikative DNA Polymerasen bestehen meist aus Protein komplexen mit mehreren Untereinheiten, welche die Chromosomen der zellulären Organismen und Viren replizieren. Eine generelle Eigenschaft dieser replizierenden Polymerasen ist im allgemeinen eine hohe Prozessivität, das heißt, deren Fähigkeit, Tausende von Nukleotide zu polymerisieren ohne vom DNA Template abzudissoziieren (Kornberg, A. & Baker, T. A. (1991) DNA Replikation. WH Freeman, New York, NY).

Bis vor kurzem waren die einzigen gut verstandenen, hochprozessiven Replikations-Mechanismen in Zellen solche, die von zellulären Replikasen (einem Protein-Komplex mit Polymerase-Aktivität) verwendet wurden, sowie der Replikationsapparat des Bakteriophagen T4 oder T7. Der dem Mechanismus zugrunde liegende Apparat beinhaltet ein Protein mit ringähnlicher Struktur, eine "Gleitklammer", welche die DNA umschließt und die katalytische Polymeraseeinheit – das "Elongationsprotein" – an die DNA bindet (Stukenberg, P.T., Studwell-Vaughan, P.S. & O'Donnell, M. (1991) Mechanism of the β -clamp of DNA polymerase III holoenzyme. J. Biol. Chem. 266, 11328–11334; Kuriyan, J. & O'Donnell, M. (1993) Sliding clamps of DNA polymerases. J. Mol. Biol. 234, 915–925). Die Gleitklammer ist häufig über ein oder mehrere weitere Proteine, den "Kopplungsproteinen", an das Elongationsprotein gebunden. Die dreidimensionale Struktur von verschiedenen Gleitklammerproteinen wurde bereits bestimmt:

- die des eukaryontischen proliferating cell nuclear antigen (PCNA) (Krishna, T.S.R., Kong, X.-P., Gary, S., Burgers, P. M. & Kuriyan, J. (1994) Crystal structure of the eukaryotic DNA polymerase processivity factor PCNA. Cell 79, 1233–1243; Gulbis, J. M., Kelman, Z., Hurwitz, J., O'Donnell, M. & Kuriyan, J. (1996) Structure of the C-terminal region of p21WAF1/CIP1 complexed with human PCNA. Cell 87, 297–306),
- die der β Untereinheit der Polymerase III des Eubakteriums *Escherichia coli* (Kong, X.-P., Orrust, R., O'Donnell, M. & Kuriyan, J. (1992) Three dimensional structure of the β subunit of *Escherichia coli* DNA polymerase III holoenzyme; a sliding DNA clamp. Cell 69, 425–437)
- und die des Bakteriophagen T4 Gen45 Proteins (Kelman, Zvi, Hurwitz, J. O'Donnell, Mike (1998) Structure, 6, 121–125).

Die Gesamtstruktur dieser Gleitklammern ist sehr ähnlich; die Bilder der Proteingesamtstruktur von PCNA, der β -Untereinheit und der gp45 Ringe sind übereinandergelegt deckungsgleich (Kelman, Z. & O'Donnell, M. (1995) Structural and functional similarities of prokaryotic and eukaryotic sliding clamps. Nucleic Acids Res. 23, 3613–3620). Jeder Ring hat vergleichbare Dimensionen und eine zentrale Öffnung, die groß genug ist, um Duplex-DNA, also einen DNA Doppelstrang, bestehend aus den zwei komplementären DNA Strängen, zu umschließen.

Die Gleitklammer kann sich in vivo nicht selbst um die DNA herum positionieren; sie muß durch einen Klammerlader um die DNA fixiert werden. Dieser Klammerlader ist ein Protein komplex, der in Prokaryonten und Eukaryonten aus einer Vielzahl von Untereinheiten besteht und der beim Eubakterium *Escherichia coli* γ -Komplex beziehungsweise beim Menschen Replikationsfaktor C (RF-C) genannt wird (Kelman, Z. & O'Donnell, M. (1994) DNA replication – enzymology and mechanisms. Curr. Opin. Genet. Dev. 4, 185–195). Der Gleitklammerlader erkennt das 3'-Ende des Einzelstrang-Duplexes (Primer-Template) und positioniert die Gleitklammer in Anwesenheit von ATP um die DNA. Die Gleitklammer, welche die DNA dann umschließt, wechselwirkt mit Polymerasen, und gewährleistet so eine schnelle und prozessive DNA Synthese.

Im Falle des Bakteriophagen T7 wird das gleiche Ziel, eine prozessive DNA Synthese, mittels eines strukturell anderen Proteinkomplexes erreicht. Der Phage exprimiert eine eigene katalytische Polymerase, die T7 Polymerase, das Produkt des gene 5, welche mit einem Protein aus dem Wirt *Escherichia coli*, dem Thioredoxin eine Bindung eingeht und als Replikase eine hochprozessive DNA Replikation ermöglicht (Proc Natl Acad Sci USA 1992 Oct 15; 89(20): 9774–9778 Genetic analysis of the interaction between bacteriophage T7 DNA polymerase and *Escherichia coli* thioredoxin, Hima-wan JS, Richardson CC). Auch hierbei kommt es zur Klammerbildung, jedoch weist diese Klammer nicht die gleiche Struktur auf, wie z. B. im Falle des eukaryontischen PCNA.

Oft ist es nötig – wie zum Beispiel im Falle der humanen Polymerase δ –, daß Proteine (Kopplungsproteine) die Verbindung zwischen dem katalytisch aktiven Teil der Polymerase und dem Prozessivitätsfaktor (Gleitklammer) schaffen. Beim Menschen ist dies die kleine Untereinheit der δ -Polymerase (Zhang, S.-J., Zeng, X.-R., Zhang, P., Toomey, N.L., Chuang, R. Y., Chang, L.-S., and Lee, M. Y. W. T. (1994). A conserved region in the amino terminus of DNA polymerase δ

is involved in proliferating cell nuclear antigen binding. J. Biol. Chem. 270, 7988–7992). Im Falle der T7 Polymerase jedoch bindet der Prozessivitätsfaktor die katalytische Einheit der Polymerase direkt.

DNA Polymerasen werden unter anderem durch zwei Eigenschaften charakterisiert, ihre Elongationsrate, das heißt die Anzahl der Nukleotide die sie pro Sekunde in einen wachsenden DNA Strang inkorporieren können und ihre Dissoziationskonstante. Wenn die Polymerase nach jedem Inkorporationsschritt eines der Nukleotide in die wachsende Kette wieder vom Strang abdissoziiert, (d. h. ein Elongationsschritt erfolgt pro Bindungsereignis), dann hat die Prozessivität den Wert 1 und die Polymerase ist nicht prozessiv. Wenn die Polymerase für wiederholte Nukleinsäureinkorporationen mit dem Strang verbunden bleibt, dann wird der Replikationsmodus als prozessiv bezeichnet und kann einen Wert von mehreren Tausend erreichen (siehe hierzu auch: Methods in Enzymology Volume 262, DNA Replication, Edited by J. L. Campbell, Academic press 1995, pp. 270–280).

Für die meisten in vitro Anwendungen, wie PCR oder Sequenzierungsprozesse ist Prozessivität eine wünschenswerte Eigenschaft, die allerdings die bislang in diesen Reaktionen eingesetzten thermostabilen Enzyme nur in geringem Maße besitzen, wohingegen die temperatursensitive, mit Thioredoxin assoziierte T7 Polymerase eine Prozessivität von einigen tausend Nukleotiden hat. Im Vergleich – die thermostabile DNA Polymerase aus *Thermus thermophilus* oder *aquaticus* haben nur eine Prozessivität von etwa 50 Nukleotiden (Biochim Biophys Acta 1995 Nov 7; 1264(2): 243–248 Inactivation of the 5'-3' exonuclease of *Thermus aquaticus* DNA polymerase. Merckens LS, Bryan SK, Moses RE).

Die U.S. Patente 4,683,195, 4,800,195 und 4,683,202 beschreiben die Anwendung solcher thermostabilen DNA Polymerasen in der Polymerase Kettenreaktion (PCR). In der PCR wird unter Verwendung von Primern, Template, Nukleotiden, einer DNA Polymerase eines entsprechenden Puffers und geeigneten Reaktionsbedingungen DNA neu synthetisiert. Hierbei wird die doppelsträngige Zielsequenz zumeist thermisch aufgeschmolzen, zwei Oligonukleotide werden anhybridisiert und die Komplementärsequenz mittels der Inkorporation von Nukleotiden durch die Polymerase am Template synthetisiert. Das Extensionsprodukt jedes Primers dient als Template für den nächsten Zyklus. In dieser PCR kommt es bevorzugt zur Verwendung einer thermostabilen Polymerase, welche das zyklische, thermische Aufschmelzen der DNA Stränge übersteht. So wird häufig Taq DNA Polymerase verwendet (U.S. Patent 4,965,188). Die Prozessivität der Taq DNA Polymerase ist jedoch wie oben ausgeführt relativ gering im Vergleich zur T7 Polymerase.

DNA Polymerasen finden auch in der DNA Sequenzbestimmung Anwendung (Sanger et al., Proc. Natl. Acad. Sci., USA 74: 5463–5467 (1977)). Häufig wird bei der Sequenzierung nach Sanger eine T7 DNA Polymerase verwendet (Tabor, S. und Richardson, C.C. Proc. Natl. Acad. Sci., USA 86: 4076–4080 (1989)). Später wurde das Cycle-Sequencing-Verfahren entwickelt (Murray, V. (1989) Nucleic Acids Res. 17, 8889), welches kein einzelsträngiges Template erfordert und die Initiierung der Sequenzreaktion mit verhältnismäßig geringen Mengen an Template erlaubt. Die hierbei zur Verwendung kommenden Polymerasen können z. B. die oben erwähnte Taq Polymerase sein (U.S. Patent 5,075,216) oder die Polymerase von *Thermotoga neapolitana* (WO 96/10640) oder andere thermostabile Polymerasen. Neuere Verfahren koppeln die exponentielle Amplifikation und die Sequenzierung eines DNA Fragmentes in einem Schritt, so daß es möglich ist, genomische DNA direkt zu sequenzieren. Eines der Verfahren, das sogenannte DEXAS-Verfahren (Nucleic Acids Res 1997 May 15; 25(10): 2032–2034 Direct DNA sequence determination from total genomic DNA. Kilger C, Pääbo S, Biol Chem 1997 Feb; 378(2): 99–105 Direct exponential amplification and sequencing (DEXAS) of genomic DNA. Kilger C, Pääbo S und DE 196 53 439.9 sowie DE 196 53 494.1) verwendet eine Polymerase mit verminderter Diskriminierungsfähigkeit gegenüber Dideoxynukleotiden (ddNTPs) im Vergleich zu Deoxynukleotiden (dNTPs) sowie einen Reaktionspuffer, zwei Primer, die preferentiell nicht equimolar vorliegen, und die oben genannten Nukleotide, um dann in mehreren Zyklen eine komplette, sequenzspezifische DNA Leiter eines Fragmentes zu erhalten welches von den Primern umspannt ist. Eine Weiterentwicklung dieses Verfahrens besteht in der Verwendung eines Polymerasegemisches, wobei eine der beiden Polymerase zwischen ddNTPs und dNTPs diskriminiert, während die zweite eine verminderte Diskriminierungsfähigkeit aufweist (Nucleic Acids Res 1997 May 15; 25(10): 2032–2034 Direct DNA sequence determination from total genomic DNA. Kilger C, Pääbo S).

DNA Polymerasen finden auch Anwendung in der reversen Transkription von RNA in DNA. Hierbei dient RNA als Template und die Polymerase synthetisiert einen komplementären DNA Strang. Zur Anwendung kommt hier z. B. die thermostabile DNA Polymerase aus dem Organismus *Thermus thermophilus* (Tth) (U.S. Patent 5,322,770).

Es kann zudem erwünscht sein, daß die Polymerase eine 'proof-reading' Aktivität besitzt, also eine 3'–5' Exonukleaseaktivität aufweist. Diese Eigenschaft ist insbesondere dann wünschenswert, wenn das zu synthetisierende Produkt mit einer niedrigen Fehlerrate bei der Nukleotidinkorporation hergestellt werden soll.

Die oben genannten Enzyme, die üblicherweise in PCR-Reaktionen eingesetzt werden, gehören größtenteils nicht zu den eigentlichen Replikationsenzymen, sondern es sind zumeist Enzyme, von denen man annimmt, daß sie an der DNA Reparatur beteiligt sind, weshalb deren Prozessivität relativ gering ist.

Somit war es Aufgabe der vorliegenden Erfindung, mehrere der vorgenannten Eigenschaften von Polymerasen, insbesondere hohe Prozessivität und Thermostabilität für die Verwendung in in vitro Reaktionen zu vereinen.

Diese Aufgabe wurde erfindungsgemäß gelöst durch die Bereitstellung eines thermostabilen in vitro-Komplexes zur Template-abhängigen Elongation von Nukleinsäuren, umfassend ein thermostabiles Gleitklammerprotein, welches mit einem thermostabilen Polymeraseaktivität-aufweisenden Elongationsprotein verbunden ist. Dieser Komplex kann in in vitro-Reaktionen, wie z. B. in PCR-Reaktionen, eingesetzt werden und weist dabei eine hohe Prozessivität auf. Vorteil ist zudem, wenn der Komplex eine geringe Fehlerquote bei der Nukleotidinkorporation aufweist, also eine erhöhte Fidelity hat. Dieser Komplex kann somit bei der Elongation, der Amplifikation und der Sequenzierung von Nukleinsäuren eingesetzt werden. Dieser Komplex ist vorzugsweise in Standard-PCR-Reaktionen einsetzbar.

Um die Verwendbarkeit eines solchen Komplexes in Standard-PCR-Reaktionen zu ermöglichen, muß eine einfache Handhabung gewährleistet sein. So wurde zwar der Replikationsapparat des Simian virus 40 bereits in vitro zusammengesetzt (Wage, S. & Stillman, B. (1994) Nature, Vol. 369, 207–221), jedoch für Standard-PCR-Reaktionen ist dieser Replikationsapparat nicht geeignet, da er unter anderem nicht thermostabil ist. Es ist somit Gegenstand der Erfindung, einen thermostabilen in vitro-Komplex mit Polymeraseaktivität bereitzustellen, der in Standard-PCR-Reaktionen einsetzbar ist und der eine hohe Prozessivität aufweist.

Insbesondere ist Gegenstand der Erfindung ein thermostabiler prokaryontischer in vitro Komplex zur Elongation von Nukleinsäuren, der ein thermostabiles Gleitklammerprotein, welches die komplementären Nukleinsäurestränge ganz oder teilweise umschließt, und ein thermostabiles, Polymeraseaktivität aufweisendes Protein umfaßt, wobei dieses Protein oder dieser Proteinkomplex mit dem Gleitklammerprotein gekoppelt ist.

- 5 Im Rahmen der vorliegenden Erfindung umfaßt der Begriff Polymeraseaktivität-aufweisendes Elongationsprotein auch Polymeraseaktivität-aufweisende Proteinkomplexe oder Untereinheiten solcher Komplexe, welche die Polymeraseaktivität tragen.

Thermostabil im Sinne der vorliegenden Erfindung bedeutet, daß der akzessorische Komplex mit hoher Prozessivität Nukleotide in wachsende Nukleinsäurestränge inkorporiert sowohl bei niedrigen als auch bei hohen Temperaturen, die in der PCR oder einer anderen Reaktion auftreten, wie z. B. der DNA Sequenzierung.

- 10 Die PCR besteht z. B. in der Regel aus den Schritten der Denaturierung (70°C bis 98°C), dem Annealing (40°C bis 78°C) und der DNA Strangsynthese (60°C bis 76°C). Somit muß dieser Komplex mindestens zwischen ca. 60°C und ca. 70°C, insbesondere zwischen 60°C und 76°C und besonders bevorzugterweise funktionsfähig sein zwischen 40°C und 98°C. Es dürfen während der gesamten Reaktion keine irreversiblen Denaturierungserscheinungen des Komplexes oder einzelner Komponenten auftreten, welche die Elongationsreaktion unterbinden oder inhibieren.

- 15 Die Kopplung zwischen Gleitklammerprotein und Polymeraseaktivität aufweisendem Elongationsprotein kann durch kovalente, aber auch durch nicht-kovalente Bindung erfolgen. In einer bevorzugten Ausführungsform sind Gleitklammerprotein und Elongationsprotein über ein Kopplungsprotein verbunden.

- 20 In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform der vorliegenden Erfindung stammen im erfindungsgemäßen thermostabilen in vitro Komplex die assoziierten Proteine aus Archaeobakterien. Es ist allerdings im Rahmen der vorliegenden Erfindung ebenfalls möglich, daß die assoziierten Proteine aus Eubakterien stammen. Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ebenfalls ein erfindungsgemäßer thermostabiler in vitro Komplex, bei dem die assoziierten Proteine zum Teil aus Archaeobakterien und zum Teil aus Eubakterien stammen.

- 25 Im Sinne der vorliegenden Erfindung umfaßt der Begriff prokaryontisches Protein sowohl Proteine aus Archaeobakterien und Proteine aus Eubakterien. Es ist bekannt, daß der Replikationsapparat in Archaea dem des eukaryontischen Replikationsapparates ähnlich ist, obwohl die Genomorganisation in Eukaryonten und Archaea gänzlich verschieden ist und die zelluläre Struktur der Eubakterien dem der Archaea ähnelt. (Edgell, D.R. and Doolittle, W.F. (1997). Archaea and the origin(s) of DNA replication proteins. *Cell* 89, 995-998).

- 30 Desweiteren ist eine bevorzugte Ausführungsform der vorliegenden Erfindung ein thermostabiler prokaryontischer in vitro Komplex, bei dem ein Polymeraseaktivität-aufweisender Proteinkomplex vorliegt, der aus einem Kopplungsprotein und einem oder mehreren Polymeraseaktivität-aufweisenden Elongationsproteinen besteht. Bevorzugt ist desweiteren ein erfindungsgemäßer thermostabiler prokaryontischer in vitro Komplex, bei dem das Gleitklammerprotein eine ringförmige Struktur aufweist, welches die komplementären Nukleinsäurestränge ganz oder teilweise umschließt.

35 Die Gleitklammer

Die folgenden Ausführungen sollen dazu dienen, die Funktion und die möglichen Erscheinungsformen des Gleitklammerproteins besser zu verstehen.

- 40 Das Gleitklammerprotein erfüllt die Funktion, die Polymeraseaktivität an die DNA zu binden. Entweder umschließt das Gleitklammerprotein selbst die DNA ganz oder teilweise oder durch Assoziation an das Polymeraseaktivität aufweisende Protein beziehungsweise an den Polymeraseaktivität-aufweisenden Proteinkomplex oder seine Untereinheit wird eine Klammer gebildet. In jedem Fall wird durch diese Klammerbildung die Prozessivität signifikant gesteigert, mindestens um das eineinhalbfache.

- 45 Das heißt, der erfindungsgemäße in vitro Komplex besitzt eine mindestens eineinhalbfache Prozessivität im Vergleich zum Elongationsprotein alleine, beziehungsweise im Vergleich zu einem Polymeraseaktivität aufweisenden Protein komplex ohne Gleitklammer oder einer Untereinheit davon.

- 50 Als Gleitklammer können beispielsweise Homologe des "Proliferating Cell Nuclear Antigen"-Proteinkomplex aus dem humanen Genom, oder Homologe des ebenfalls ringförmigen "β-clamp"-Proteinkomplex aus *E. coli* dienen, welche aus thermostabilen Organismen stammen und somit thermostabil sind, oder aus nicht thermostabilen Organismen stammen, und nachträglich durch Veränderung der Aminosäuresequenz thermostabil gemacht wurden (Eijssink VG, van der Zee JR, van den Burg B, Vriend G, Venema G, FEBS Lett 1991 Apr 22; 282(1): 13-16, Improving the thermostability of the neutral protease of *Bacillus stearothermophilus* by replacing a buried asparagine by leucine, Bertus Van den Burg, Gert Vriend, Oene R. Veltman, Gerard Venema, and Vincent G. H. Eijssink Engineering an enzyme to resist boiling PNAS 1998, 95: 2056-2060). Dabei kann die Gleitklammer aus mehreren Komponenten aufgebaut sein. Die im menschlichen 55 Genom identifizierte Gleitklammer besteht aus drei PCNA-Protein Komponenten (SEQ ID NO: 11) (Homotrimeres), die im *E. coli* Genom identifizierte Gleitklammer besteht aus zwei Komponenten (SEQ ID NO: 35) (Homodimeres).

- 60 Als Gleitklammer im Sinne der vorliegenden Erfindung ist hierbei insbesondere jedes Protein zu verstehen, das die funktionelle Eigenschaft der Polymeraseprozessivitätssteigerung besitzt oder der Senkung der Fehlerrate dient. Dazu kann die Gleitklammer eine ringförmige dreidimensionale Struktur aufweisen oder durch Kopplung an ein anderes Protein ringförmige dreidimensionale Struktur bilden, durch die sie in der Lage ist, ein- und doppelsträngige DNA ganz oder teilweise zu umschließen.

Als Gleitklammer im Sinne der vorliegenden Erfindung ist insbesondere ein solches Protein zu verstehen, das

- 65 1. zu der menschlichen (Eukaryonten) PCNA Aminosäuresequenz (SEQ ID NO: 11) auf einer Länge von mindestens 100 Aminosäuren bei einem Sequenzalignment eine mindestens 20%ige Sequenzidentität aufweist oder das
2. zu der bakteriellen β-clamp Sequenz aus *E. coli* (Eubakteria) (SEQ ID NO: 35) auf einer Länge von mindestens 100 Aminosäuren bei einem Sequenzalignment eine mindestens 20%ige Sequenzidentität aufweist oder das
3. zu der Aminosäuresequenz des PCNA Homologen aus *Archaeoglobus fulgidus* (Archaea) (SEQ ID NO: 12) auf

einer Länge von mindestens 100 Aminosäuren bei einem Sequenzalignment eine mindestens 20%ige Sequenzidentität aufweist.

Die erfindungsgemäße Gleitklammer kann eines oder mehrere der vorgenannten Merkmale aufweisen.

Die in Abb. 1 aufgeführten Sequenzidentitäten wurden mit dem BLAST Algorithmus nach Altschul, S.F., Gish, W., Miller, W., Myers, E.W., and Lipman, D.J., J. Mol. Biol. 215, 403-410 (1990) ermittelt und werden weiter unten erläutert.

Als Gleitklammer im Sinne der vorliegenden Erfindung sind außerdem Proteine zu verstehen, die eine oder beide der folgenden Konsensussequenzen beinhalten und an nicht mehr als vier Positionen von einer dieser Sequenzen abweichen (Abb. 4):

Region 1

(SEQ ID NO: 39)

[G A V L I M P F W]-D-X-X-X-[G A V L I M P F W]-X-X-[G A V L I M P F W]-X-[G A V L I M P F W]-X-X-X-X-F-X-X-Y-X-X-D und/oder

Region 2

(SEQ ID NO: 40)

[G A V L I M P F W]-X(3)-L-A-P-[K R H D E]-[G A V L I M P F W]-E.

Die Aminosäuren werden hierbei gemäß der Standard IUPAC Einbuchstaben Nomenklatur benannt und gemäß dem Prosite Pattern Beschreibungsstandard aufgeführt. Dabei sind die folgenden Aminosäuregruppen häufig zusammengefaßt:

G, A, V, I, L, M, P, F oder W (Aminosäuren mit nicht polaren Seitenketten)

S, T, N, Q, Y, oder C (Aminosäure mit ungeladenen polaren Seitenketten)

K, R, H, D oder E (Aminosäure mit geladenen und polaren Seitenketten)

Außerdem bedeutet X in den Sequenzprotokollen jede beliebige Aminosäure oder Insertion oder Deletion.

Aus dem in Abb. 12 dargestellten multiplen Alignment von menschlichen PCNA Homologen wurde zudem ein Hidden Markov Modell generiert. Als Gleitklammer im Sinne der vorliegenden Erfindung ist somit insbesondere jedes Protein zu verstehen, daß mit dem so erzeugten Hidden Markov Modell einen Score mehr als 20 aufweist (Abb. 12). Die Hidden Markov Modelle und die entsprechenden Scores wurden mit dem hmmsf Programm (Version 1.8.4, July 1997) aus dem HMMER Paket berechnet (HMMER Protein and DNA Hidden Markov Models (Version 1.8) von Sean Eddy, Dept. of Genetics, Washington University School of Medicine, St. Louis, USA).

Aus dem in Abb. 13 dargestellten multiplen Alignment von E. coli β -clamp Homologen wurde ein Hidden Markov Modell generiert. Als Gleitklammer im Sinne der vorliegenden Erfindung ist somit insbesondere jedes Protein zu verstehen, das mit dem so erzeugten Hidden Markov Modell einen Score von mehr als 25 aufweist (Abb. 13).

Die Gleitklammer kann aus mehreren Komponenten aufgebaut sein, die durch eine charakteristische Bindung fest aneinander gebunden sind, so daß ein stabiler ringförmiger Molekülkomplex gebildet wird, der nicht ohne Weiteres von der DNA dissoziieren kann. Dadurch wird eine feste aber nicht kovalente Bindung an die DNA ermöglicht, die freie Verschiebbarkeit auf derselben aber nicht behindert. Die prozessivitätssteigernden Gleitklammerproteine haben zudem charakteristische lokale Moleküleigenschaften im Bereich der Wechselwirkungsregion zur DNA, welche die freie Verschiebbarkeit erleichtern und die durch in diese Region eingelagerte Wassermoleküle unterstützt werden kann.

Eine bevorzugte Ausführungsform der vorliegenden Erfindung ist weiterhin insbesondere ein thermostabiler prokaryontischer in vitro Komplex, wobei das Gleitklammerprotein eines der folgenden ist: AF0335 aus Archaeoglobus Fulgidus, MJ0247 aus Methanococcus Jannaschii, PHLA008 aus Pyrococcus Horikoshii, MTH1312 aus Methanobacterium Thermoautotrophicus sowie AE000761_7 aus Aquifex Aeolicus.

Insbesondere sind thermostabile prokaryontische in vitro Komplexe vom Gegenstand dieser Anmeldung umfaßt, wobei das Gleitklammerprotein eine Aminosäuresequenz gemäß SEQ ID No. 11, 12, 13, 14, 15 und 36 (Aquifex Aeolicus) aufweist.

Der Gleitklammerlader

Desweiteren ist als bevorzugte Ausführungsform zu verstehen, wenn zu diesem erfindungsgemäßen Komplex zusätzlich ein Gleitklammerlader gehört, welcher die Komponenten der Gleitklammer um den ununterbrochenen DNA-Strang herum zusammenfügt, bzw. diese wieder entfernt, wenn die Reaktion beendet wird. Dieser Gleitklammerlader ist bevorzugt mit dem erfindungsgemäßen in vitro-Komplex assoziiert.

Im Menschen besteht der Gleitklammerlader aus fünf Untereinheiten, 4 kleinen (Gleitklammerlader 1) und einer großen Untereinheit (Gleitklammerlader 2). Als Gleitklammerlader dienen erfindungsgemäß beispielsweise ein oder mehrere prokaryontische Homologe des im Menschen identifizierten "Replication Factor C"-Proteinkomplexes (Gleitklammerlader 1: SEQ ID NO: 1, 32, 33, 34 und Gleitklammerlader 2 SEQ ID NO: 6).

Als Gleitklammerlader 1 im Sinne der vorliegenden Erfindung ist insbesondere ein solches Protein zu verstehen, das zu der menschlichen (Eukaryonten) Aminosäuresequenz (SEQ ID NO: 1, 32, 33, 34) auf einer Länge von mindestens 100 Aminosäuren bei einem Sequenzalignment eine mindestens 20%ige Sequenzidentität aufweist.

Als Gleitklammerlader 2 im Sinne der vorliegenden Erfindung ist insbesondere auch ein solches Protein zu verstehen,

das zu der menschlichen (Eukaryonten) Aminosäuresequenz (SEQ ID NO: 6) auf einer Länge von mindestens 150 Aminosäuren bei einem Sequenzalignment eine mindestens 20%ige Sequenzidentität aufweist.

Als Klammerlader sind beispielsweise die in Abb. 1 aufgeführten Homologe aus Archaeobakterien geeignet (SEQ ID NO: 3, 4, 5; Homologe zu Gleitklammerlader 1 und SEQ ID NO: 8, 9, 10, Homologe zu Gleitklammerlader 2). Daher ist insbesondere bevorzugt ein thermostabiler prokaryotischer in vitro Komplex, wobei zusätzlich ein RFC-homologes Protein bzw. Proteinkomplex anwesend ist.

Als Gleitklammerlader 1 im Sinne der vorliegenden Erfindung ist daher beispielsweise jedes Protein zu verstehen, das die folgenden Konsensussequenzen beinhaltet und an nicht mehr als vier Positionen von dieser Sequenz abweicht (Abb. 6):

SEQ ID NO: 41

C-N-Y-X-S-[KRHDE]-I-I-X-[G A V L I M P F W]-[G A V L I M P F W]-Q-S-R-C-X-X-F-R-F-X-P-[G A V L I M P F W].

Als Gleitklammerlader 2 im Sinne der vorliegenden Erfindung ist daher beispielsweise auch jedes Protein zu verstehen, das die folgenden Konsensussequenzen beinhaltet und an nicht mehr als vier Positionen von dieser Sequenz abweicht (Abb. 7):

SEQ ID NO: 42

K-X-X-L-L-X-G-P-P-G-X-G-K-T-[S T N Q Y C]-X-[G A V L I M P F W]-X-X-[G A V L I M P F W].

Aus dem in Abb. 14 dargestellten multiplen Alignment von menschlichen Gleitklammerlader 1 Homologen wurde zudem ein Hidden Markov Modell generiert. Als Gleitklammerlader 1 im Sinne der vorliegenden Erfindung ist somit jedes Protein zu verstehen, das mit dem so erzeugten Hidden Markov Modell einen Score mehr als 25 aufweist (Abb. 14).

Aus dem in Abb. 15 dargestellten multiplen Alignment von menschlichen Gleitklammerlader 2 Homologen wurde zudem ein Hidden Markov Modell generiert. Als Gleitklammerlader 2 im Sinne der vorliegenden Erfindung ist somit jedes Protein zu verstehen, das mit dem so erzeugten Hidden Markov Modell einen Score mehr als 15 aufweist (Abb. 15).

Bevorzugt ist ebenfalls, wenn ein dem Eubakterium Escherichia coli γ -Komplex homologes Protein als Gleitklammerlader anwesend ist.

Außerdem bevorzugt ist ein erfindungsgemäßer thermostabiler in vitro Komplex zur Elongation von Nukleinsäuren, bei dem neben dem Gleitklammerlader zusätzlich ATP vorliegen kann, vorzugsweise ebenfalls assoziiert.

Das Kopplungsprotein

Das Kopplungsprotein hat die Funktion, das Elongationsprotein und das Gleitklammerprotein zu verbinden. Als Kopplungsprotein im Sinne der vorliegenden Erfindung ist insbesondere jedes Protein zu verstehen, welches die oben beschriebene Funktion besitzt. Dabei sind als Kopplungsproteine beispielsweise die in Abb. 1 aufgeführten Homologe zu der humanen Sequenz der koppelnden Untereinheit (DPD2_HUMAN, [SEQ ID NO: 16]) aus Archaeobakterien geeignet (SEQ ID NO: 17, 18, 19, 20, 21).

Als Kopplungsprotein im Sinne der vorliegenden Erfindung ist insbesondere ein solches Protein zu verstehen, das zu der menschlichen (Eukaryonten) Aminosäuresequenz (SEQ ID NO: 16) auf einer Länge von mindestens 150 Aminosäuren bei einem Sequenzalignment eine mindestens 18%ige Sequenzidentität aufweist.

Als Kopplungsprotein im Sinne der vorliegenden Erfindung ist daher jedes Protein zu verstehen, das die folgende Konsensussequenz beinhaltet und an nicht mehr als vier Positionen von dieser Sequenz abweicht (Abb. 5):

SEQ ID NO: 43

[FL]-[G A V L I M P F W]-X-X-[G A V L I M P F W]-X-G-X(13)-[G A V L I M P F W]-X-[YR]-[G A V L I M P F W]-X-[G A V L I M P F W]-A-G-[DN]-[G A V L I M P F W]-[G A V L I M P F W]-[DS].

Aus dem in Abb. 16 dargestellten multiplen Alignment von Homologen zur menschlichen koppelnden Untereinheit wurde zudem ein Hidden Markov Modell generiert. Als koppelnde Untereinheit im Sinne der vorliegenden Erfindung ist somit jedes Protein zu verstehen, das mit dem so erzeugten Hidden Markov Modell einen Score mehr als 10 aufweist (Abb. 16).

Polymeraseaktivität-aufweisendes Elongationsprotein bzw. Polymeraseaktivität aufweisender Enzymkomplex bzw. Untereinheit davon

Einige Elongationsproteine benötigen die Anwesenheit eines Kopplungsproteins (koppelnde Untereinheit), um überhaupt Polymeraseaktivität aufzuweisen. Es ist aber auch vorstellbar, daß das Elongationsprotein direkt an die Gleitklammer bindet. Andere Elongationsproteine benötigen die Anwesenheit eines Kopplungsproteins für die Bindung an die Gleitklammer.

Das Elongationsprotein weist eine 5'-3'-Polymeraseaktivität oder eine Reverse-Transkriptase-Aktivität auf. Dabei sind als Elongationsproteine beispielsweise die in Abb. 1 aufgeführten zum menschlichen Elongationsprotein (SEQ ID NO: 22) Homologe aus Archaeobakterien geeignet (SEQ ID NO: 23, 24, 25, 26).

Bevorzugterweise bindet das Elongationsprotein an das Kopplungsprotein, welches wiederum an das Gleitklammer-

protein gekoppelt ist.

Als Elongationsprotein im Sinne der vorliegenden Erfindung ist insbesondere ein solches Protein zu verstehen, das zu der menschlichen (Eukaryonten) Aminosäuresequenz (SEQ ID NO: 22) auf einer Länge von mindestens 200 Aminosäuren bei einem Sequenzalignment eine mindestens 20%ige Sequenzidentität aufweist.

Als Elongationsprotein im Sinne der vorliegenden Erfindung ist daher insbesondere jedes Protein zu verstehen, das die folgende Konsensussequenz beinhaltet und an nicht mehr als vier Positionen von dieser Sequenz abweicht (Abb. 8):

SEQ ID NO: 44

D-[G A V L I M P F W]-[G A V L I M P F W]-X-X-Y-N-X-X-X-F-D-X-P-Y-[G A V L I M P F W]-X-X-R-A.

Aus dem in Abb. 17 dargestellten multiplen Alignment von Homologen zum menschlichen Elongationsprotein (SEQ ID NO: 22) wurde zudem ein Hidden Markov Modell generiert. Als Elongationsprotein im Sinne der vorliegenden Erfindung ist somit insbesondere jedes Protein zu verstehen, das mit dem so erzeugten Hidden Markov Modell einen Score mehr 20 aufweist (Abb. 17).

Als Elongationsprotein im Sinne der vorliegenden Erfindung ist insbesondere auch ein solches Protein zu verstehen, das zu der archaeabakteriellen Aminosäuresequenz (SEQ ID NO: 27) auf einer Länge von mindestens 400 Aminosäuren bei einem Sequenzalignment eine mindestens 25%ige Sequenzidentität aufweist. Beispielsweise sind geeignet die aus Archaeobakterien stammenden Proteine mit der SEQ ID NO: 28, 29, 30 oder 31.

Als Elongationsprotein im Sinne der vorliegenden Erfindung ist daher insbesondere auch jedes Protein zu verstehen, das die folgende Konsensussequenz beinhaltet und an nicht mehr als vier Positionen von dieser Sequenz abweicht (Abb. 9):

SEQ ID NO: 45

A-[G A V L I M P F W]-R-T-A-[G A V L I M P F W]-A-[G A V L I M P F W]-[G A V L I M P F W]-T-E-G-[G A V L I M P F W]-V-X-A-P-[G A V L I M P F W]-E-G-I-A-X-V-[K R I I D E]-I.

Aus dem in Abb. 18 dargestellten multiplen Alignment von Homologen zum archaebakteriellen Elongationsprotein (SEQ ID NO: 27) wurde zudem ein Hidden Markov Modell generiert. Als Elongationsprotein im Sinne der vorliegenden Erfindung ist somit insbesondere jedes Protein zu verstehen, das mit dem so erzeugten Hidden Markov Modell einen Score mehr als 35 aufweist (Abb. 18).

Das Elongationsprotein kann auch eubakteriellen Ursprungs sein.

Als Elongationsprotein im Sinne der vorliegenden Erfindung ist somit ebenfalls ein solches Protein zu verstehen, das zu der eubakteriellen Aminosäuresequenz (SEQ ID NO: 37) auf einer Länge von mindestens 300 Aminosäuren bei einem Sequenzalignment eine mindestens 25%ige Sequenzidentität aufweist.

Als Elongationsprotein im Sinne der vorliegenden Erfindung ist daher auch insbesondere jedes Protein zu verstehen, das die folgende Konsensussequenz beinhaltet und an nicht mehr als acht Positionen von dieser Sequenz abweicht (Abb. 10):

SEQ ID NO: 46

[G A V L I M P F W]-P-V-G-[G A V L I M P F W]-G-R-G-S-X-[G A V L I M P F W]-G-S-[G A V L I M P F W]-V-A-X-A-[G A V L I M P F W]-X-I-T-D-[G A V L I M P F W]-D-P-[G A V L I M P F W]-X-X-X-[G A V L I M P F W]-L-F-E-R-F-L-N-P-E-R-[G A V L I M P F W]-S-M-P-D.

Aus dem in Abb. 19 dargestellten multiplen Alignment von Homologen zum eubakteriellen Elongationsprotein (SEQ ID NO: 37) wurde zudem ein Hidden Markov Modell generiert. Als Elongationsprotein im Sinne der vorliegenden Erfindung ist somit jedes Protein zu verstehen, das mit dem so erzeugten Hidden Markov Modell einen Score mehr 20 aufweist (Abb. 19).

Bisher wurden einige DNA Polymerasen als Elongationsproteine ohne Kopplungsprotein und ohne Gleitklammer für Standard PCR Reaktionen eingesetzt, so z. B. DNA Polymerase I aus *Pyrococcus furiosus* (United States Patent No. 5,545,552) oder *Pyrococcus species* (European Patent Application No: 0 547 359 A1). Diese Enzyme zeichnen sich durch die Eigenschaft aus, thermostabil zu sein und häufig eine 3'-5' exonuklease Aktivität ('proof-reading' Aktivität) zu besitzen. Erst vor kurzem wurde ein Heterodimer mit Polymeraseaktivität in *Pyrococcus furiosus* entdeckt (Uemori, T., Sato, Y., Kato, I., Doi, H., and Ishino, Y. (1997). A novel DNA polymerase in the hyperthermophilic archaeon, *pyrococcus furiosus*: gene cloning, expression, and characterization. *Genes to Cells* 2, 499-512.)

Bevorzugt ist im Rahmen der vorliegenden Erfindung, daß der erfindungsgemäße prokaryontische in vitro Komplex zur Elongation von Nukleinsäuren aus Proteinen besteht, die aus Archaea stammen. Das heißt, bevorzugt ist die Verwendung eines Gleitklammerproteins aus Archaeobakterien. Desweiteren ist bevorzugt, daß das Elongationsprotein beziehungsweise ein Polymeraseaktivität-aufweisender Proteinkomplex, welcher aus Elongationsprotein und Kopplungsprotein besteht, aus Archaeobakterien stammt.

Beispiele solcher für den erfindungsgemäßen Komplex geeigneter Proteine sind in Abb. 1 und 2 dargestellt.

Natürlich ist es möglich, durch Deletionen oder Mutationen oder durch das Anfügen von Aminosäuren die Eigenschaften dieser Proteine zu optimieren. Diese veränderten Proteine sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung, solange sie den erfindungsgemäßen in vitro Komplex zur Elongation von Nukleinsäuren bilden und die oben näher spezifizierten Funktionen erfüllen.

Zur Veranschaulichung des erfindungsgemäßen Komplexes dient Abb. 3, die beispielhaft den Replikationsapparat in

einer möglichen Variante darstellt, wobei die Gleitkammer über eine koppelnde Untereinheit an das Elongationsprotein bindet.

Desweiteren ist bevorzugt, daß zusätzlich zu dem erfindungsgemäßen prokaryotischen akzessorischen in vitro Komplex zwei Primer anwesend sind. Primer sind in der Regel Oligonukleotide, welche an die beiden komplementären DNA Stränge der Zielsequenz binden, wobei sie in gegensätzlicher Orientierung, ihre 3'-Enden zueinander gerichtet, den zu amplifizierenden Abschnitt einschließen. Sie dienen als Startpunkt der Amplifikation und stellen in der Regel ein freies 3'-OH Ende für die Polymerase zur Inkorporation eines Nukleotides zur Verfügung.

Während der Verwendung des Proteinkomplexes zur Amplifikation, Elongation und Sequenzierung liegt der erfindungsgemäße Komplex bevorzugterweise in einem geeigneten Puffer vor. Geeignete Puffer sind solche, die für PCR, Sequenzierung, Nukleinsäuremarkierung und anderen in vitro Nukleinsäure Elongationsreaktionen mittels Polymerase Anwendung finden. Geeignete Puffer werden beispielweise beschrieben in *Methods in Molecular Biology* Vol. 15 Humana Press Totowa, New Jersey, 1993, edited by Bruce A. White.

Während der Verwendung des Proteinkomplexes zur Elongation, Amplifikation, Reversen Transkription oder/und Sequenzierung liegt zusätzlich zu dem erfindungsgemäßen Komplex ein Gemisch aus Nukleotiden vor. Deoxynukleotide können aus dGTP, dATP, dTTP und dCTP ausgewählt werden, sind jedoch nicht auf diese beschränkt. Zusätzlich können auch Derivate von Deoxynukleotiden gemäß der Erfindung verwendet werden, welche als solche Deoxynukleotide definiert sind, die in der Lage sind, durch eine thermostabile DNA Polymerase in wachsende DNA Moleküle inkorporiert zu werden, die in der Reaktion synthetisiert werden. Solche Derivate schließen Thionukleotide, 7-deaza-2'-dGTP, 7-deaza-2'-dATP sowie Deoxyinosine Triphosphat, das auch als Ersatz Deoxynukleotid für dATP, dGTP, dTTP oder dCTP verwendet werden kann, ein, sind aber nicht auf diese beschränkt. Ebenso können markierte Deoxynukleotide verwendet werden. Alle bekannten oder/und zu dem erfindungsgemäßen Zweck geeigneten Markierungen können dabei vorliegen.

Dideoxynukleotide können aus ddGTP, ddATP, ddTTP und ddCTP ausgewählt werden, sind jedoch nicht auf diese beschränkt. Zusätzlich können auch Derivate von Dideoxynukleotiden gemäß der Erfindung verwendet werden, die als solche Dideoxynukleotide definiert sind, die in der Lage sind, durch eine thermostabile DNA Polymerase in wachsende DNA Moleküle inkorporiert zu werden, die in der Reaktion synthetisiert werden. Solche Derivate können radioaktive Dideoxynukleotide (ddATP, ddGTP, ddTTP und ddCTP) oder Dideoxynukleotide (ddATP, ddGTP, ddTTP und ddCTP), welche mit z. B. FITC, Cy5, Cy5.5, Cy7 und Texas-Rot oder anderen markiert sind, einschließen, sind aber nicht auf diese beschränkt. Im Rahmen einer erfindungsgemäßen Sequenzierung können auch markierte Deoxynukleotide zusammen mit unmarkierten Dideoxynukleotiden eingesetzt werden.

Ribonukleotide können aus GTP, ATP, TTP und CTP ausgewählt werden, sind jedoch nicht auf diese beschränkt. Zusätzlich können auch Derivate von Ribonukleotiden gemäß der Erfindung verwendet werden, die als solche Ribonukleotide definiert sind, die in der Lage sind, durch eine thermostabile DNA Polymerase in wachsende DNA Moleküle inkorporiert zu werden, die in der Reaktion synthetisiert werden. Solche Derivate können radioaktive Ribonukleotide (ATP, GTP, TTP und CTP) oder Ribonukleotide (ATP, GTP, TTP und CTP), welche mit z. B. FITC, Cy5, Cy5.5, Cy7 und Texas-Rot oder anderen markiert sind, einschließen, sind aber nicht auf diese beschränkt.

Während der Verwendung des Proteinkomplexes zur Amplifikation, Elongation und Sequenzierung kann es sich als vorteilhaft erweisen wenn bei der Reaktion eine Pyrophosphatase anwesend ist.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein thermostabiler, akzessorischer in vitro-Komplex, welcher ein Gleitkammerprotein und ein Kopplungsprotein umfaßt, wobei beide Proteine wie oben definiert sind.

Der erfindungsgemäße akzessorische in vitro-Komplex ist gewissermaßen als Vorstufe zu dem oben beschriebenen erfindungsgemäßen thermostabilen in vitro-Komplex zur Template-abhängigen Elongation von Nukleinsäuren zu verstehen.

Der akzessorische Komplex muß lediglich mit einem Elongationsprotein kombiniert werden, um diese in eine deutlich erhöhte Prozessivität zu verleihen. Der akzessorische in vitro-Komplex kann daher auch zusammen mit bekannten thermostabilen Polymerasen eingesetzt werden, wobei ebenfalls Nachteile dieser bekannten Proteine hinsichtlich insbesondere der Prozessivität verringert werden können.

Identifizierung der Gene, Klonierung der Gene, Expression dieser und Reinigung der Proteine der erfindungsgemäßen in vitro-Komplexe:

In der Regel können die Komplexe, bestehend aus rekombinanten Proteinen, mit den folgenden Schritten bereitgestellt werden: Bereitstellung des Nukleinsäurefragments welches für das gewünschte Protein kodiert, Ligation in einen Expressionsvektor, Transformation in einen Wirt, Expression und Aufreinigung des Proteins. In Übereinstimmung mit der vorliegenden Erfindung kann es vorkommen, daß Gene, insbesondere aus den Archaeobakterien, Inteine (*Proc Natl Acad Sci USA* 1992 Jun 15; 89(12): 5577-5581, Intervening sequences in an Archaea DNA polymerase gene, Perler FB, Comb DG, Jack WE, Moran LS, Qiang B, Kucera RB, Benner J, Slatko BE, Nwankwo DO, Hempstead SK, et al) enthalten können, welche zunächst entfernt werden können.

Die Identifizierung weiterer für den erfindungsgemäßen Komplex geeigneten Proteine kann z. B. erfolgen durch Homologiesuchen in Datenbanken, welche Genome aus Prokaryonten umfassen. Einige Programme sind hierfür geeignet, beispielsweise das Programm BLASTP und FASTA (Altschul, Stephen F., Thomas L. Madden, Alejandro A. Schaffer, Jinghui Zhang, Zheng Zhang, Webb Miller, and David J. Lipman (1997), "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs", *Nucleic Acids Res.* 25: 3389-3402. W.R. Pearson & D.J. Lipman *PNAS* (1988) 85: 2444-2448).

Die Identifizierung kann auch dadurch geschehen, daß DNA Sonden verwendet werden, um in z. B. gesamtgenomischen Banken aus Prokaryonten nach den entsprechenden Genen zu screenen. Die hierfür nötigen experimentellen Verfahren finden sich in Maniatis et al. (*Molecular Cloning: A laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, N.Y.(1989)).

Die Bereitstellung der gereinigten Nukleinsäure der Gene der erfindungsgemäßen Komplexe kann z. B. über deren Isolierung aus einer genomischen Bank des relevanten Organismus geschehen oder durch synthetische DNA-Herstellung, jeweils gewünschtenfalls kombiniert mit einer Amplifikation mittels PCR, unter Zuhilfenahme von Primern, wel-

che für den gewünschten Genabschnitt spezifisch sind. Übliche Verfahren sind in Maniatis et al. (Molecular Cloning: A laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, N.Y. (1989)) beschrieben.

Die Gene der Proteine der erfindungsgemäßen in vitro-Komplexe können in einer Vielzahl von Verfahren kloniert werden und somit mittels eines Expressionsvektors zur Proteinexpression in einem Wirtsorganismus zur Verfügung gestellt werden. Gängige Verfahren sind in Maniatis et al. (Molecular Cloning: A laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, N.Y. (1989)) beschrieben. Die Gene der Komplexe können hierbei z. B. zunächst in einen 'high-copy' Vektor, z. B. pUC18, pBst oder pBR322 kloniert werden und dann erst in einen prokaryontischen Expressionsvektor, z. B. pTrec99 umklontiert werden, oder aber direkt in einen prokaryontischen Expressionsvektor kloniert werden. Unter Vektoren sind hierbei Nukleinsäuren zu verstehen, die in der Lage sind, ein anderes Nukleinsäuremolekül in oder zwischen verschiedenen Organismen, bzw. genetischen Hintergründen zu transportieren. Sie haben in der Regel die Fähigkeit der autonomen Replikation und/oder der Expression (Expressionsvektoren) des operativ verbundenen Nukleinsäuremoleküls. "Operativ verbunden" bedeutet, daß das transportierte Nukleinsäuremolekül so mit dem Vektor verbunden ist, daß es unter der Transkriptions- und Translationskontrolle von Expressionskontrollsequenzen des Vektors steht und in einer Wirtszelle exprimiert werden kann. Bakterielle Expressionssysteme, die bevorzugte Verwendung derer, sowie eine Auswahl an Vektorsystemen ist z. B. in 'Gene Expression Technology', (Meth. Enzymol., Vol 185, Goeddel, Ed., Academic Press, N.Y. (1990)) beschrieben. Geeignete Vektoren für die vorliegende Erfindung sollten unterschiedlich starke Expression der Proteine dadurch ermöglichen, daß sie einige oder alle der folgenden Eigenschaften besitzen: (1) Promotoren, oder Transkriptionsinitiationsstellen, entweder unmittelbar neben dem Start des Proteins oder als Fusionsprotein, (2) Operatoren die verwendet werden können Genexpression an oder aus zu schalten, (3) ribosomale Bindungsstellen für eine verbesserte Translation, und (4) Terminationsstellen für die Transkription oder Translation, die zu verbesserter Stabilität führen.

Expressionsvektoren, die mit eukaryontischen Zellen, bevorzugterweise mit Vertebratenzellen kompatibel sind, können auch Verwendung finden. Einige bekannte Vektoren sind pSVL und pKSV-10 (Pharmacia), pBPV-1/pML2d (International Biotechnologies, Inc.), und pTDT1 (ATCC 31255). Die Verwendung eines retroviralen Expressionsvektors ist auch möglich.

Weitere Gegenstände der vorliegenden Erfindung sind daher DNA-Sequenzen, welche für die erfindungsgemäßen thermostabilen in vitro-Komplexe bzw. akzessorischen in vitro-Komplexe codieren, sowie entsprechende Vektoren, vorzugsweise Expressionsvektoren.

Die erfindungsgemäßen Vektoren enthalten mindestens das Gen für das Gleitklammerprotein und vorzugsweise mindestens ein Gen für ein Kopplungs- oder/und Elongationsprotein, wie sie jeweils oben definiert sind.

Es ist dabei im Rahmen der Erfindung bevorzugt, wenn der Vektor neben den darin bereits enthaltenen DNA-Sequenzen noch geeignete Restriktionsschnittstellen und ggf. Polylinker zur Insertion weiterer DNA-Sequenzen enthält. Besonders bevorzugt ist es, wenn die räumliche Anordnung von bereits enthaltener DNA-Sequenz und zusätzlicher Insertionsstelle nach Expression zur Ausbildung eines Fusionsproteins führt.

Ebenfalls bevorzugt ist es, wenn der erfindungsgemäße Vektor Promotor- oder/und Operatorbereiche enthält, wobei es besonders bevorzugt ist, wenn derartige Promotor- oder/und Operatorbereiche induzierbar oder reprimierbar sind. Dadurch wird eine Steuerung der Expression in Wirtszellen erheblich vereinfacht und kann besonders effizient gestaltet werden.

Derartige Promotor/Operatorbereiche können in einem Expressionsvektor auch mehrfach vorkommen, so daß eine ggf. unabhängige Expression mehrerer DNA-Sequenzen unter Verwendung nur eines Expressionsvektors ermöglicht wird.

Ein besonders bevorzugter Vektor enthält im Rahmen der Erfindung DNA-Sequenzen codierende für alle Bestandteile eines erfindungsgemäßen in vitro-Komplexes oder akzessorischen in vitro-Komplexes.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist eine Wirtszelle, enthaltend einen oder mehrere erfindungsgemäße(n) Vektor(en), wobei in dieser Wirtszelle unter geeigneten Bedingungen die Expression zu Proteinen erfolgen kann. Geeignete Bedingungen schließen beispielsweise Anwesenheit eines Induktors oder eines Derepressors ein.

Für die Transformation, Phageninfektion und Zellkultur existieren Standardprotokolle in Maniatis et al. (Molecular Cloning: A laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, N.Y.). Aus der Vielzahl der vorhandenen E. coli Stämme, die zur Transformation geeignet sind, sind die bevorzugten JM101 (ATCC No. 33876), XL1 (Stratagene), RRI (ATCC No. 31343) und BL21 (Pharmacia). Proteinexpression kann z. B. auch geschehen unter Zuhilfenahme des E. coli Stammes INVαF' (Invitrogen).

Die Transformanten werden gemäß den geeigneten Wachstumsbedingungen des Wirtsstammes kultiviert. So werden die meisten E. coli Stämme z. B. in LB Medium kultiviert, bei 30°C bis 42°C bis zur logarithmischen oder stationären Wachstumsphase. Die Proteine können aus einer transformierten Kultur gereinigt werden, wobei dies entweder aus einem Zellpellet, nach Zentrifugation, oder aber aus der Kulturlösung geschehen kann. Sofern die Proteine aus dem Zellpellet gereinigt werden, werden die Zellen in einem geeigneten Puffer resuspendiert und mittels Sonifizierung, enzymatischer Behandlung oder Einfrieren und Auftauen aufgebrochen. Sofern die Reinigung aus der Kultursuspension geschieht, das heißt alleine oder über ein Fusionsprotein, wird der Überstand von den Zellen mittels bekannter Verfahren, wie Zentrifugation abgetrennt.

Die Separation und Reinigung der Proteine der erfindungsgemäßen Komplexe entweder aus dem Überstand der Kulturlösung oder aus dem Zellextrakt kann durch bekannte Separations- oder Reinigungsverfahren geschehen. Diese Methoden sind z. B. solche die Löslichkeiten betreffen, wie Salzfallungen, und Lösungsmittelfällungen, Methoden die sich die unterschiedlichen Molekulargewichte zu Nutze machen, wie Dialyse, Ultrafiltration, Gelfiltration, und SDS-Polyacrylamidgelelektrophorese, Methoden die sich die unterschiedlichen Ladungen zu Nutze machen, Ionenaustauschchromatographie, Methoden die sich die unterschiedlichen Hydrophobizitäten zu Nutze machen, wie reverse-phase HPLC (High Performance Liquid Chromatography), Methoden die sich bestimmte Affinitäten zu Nutze machen, wie Affinitätschromatographie, und Methoden die sich Unterschiede im Isoelektrischen Punkt zu Nutze machen, wie isoelektrische Fokussierung. Es ist auch vorstellbar, daß Zellextrakte, entweder aus dem Organismus, welcher das Gen des akzessori-

schen Komplexes trägt, gemacht werden können, welcher die erfindungsgemäße Aufgabe erfüllt, oder aus dem rekombinanten Wirtsorganismus, z. B. E. coli. Mit diesen Extraktionen könnte man unter Umständen andere Reinigungsschritte umgehen.

Die oben beschriebenen Verfahren können in einer Vielzahl von Kombinationen eingesetzt werden um die Proteine des in vitro-Komplexes bereitzustellen.

Der erfindungsgemäße thermostabile prokaryontische akzessorische in vitro Komplexes kann zur Elongation von Nukleinsäuren verwendet werden, z. B. zur Polymerase-Ketten-Reaktion, DNA Sequenzierung, zur Markierung von Nukleinsäuren und anderen Reaktionen, die die Nukleinsäure in vitro Synthese beinhalten. Auch möglich ist die Anwendung in der reversen Transkription, wobei entweder der erfindungsgemäße Komplex selbst reverse Transkriptase Aktivität besitzt, oder aber zusätzlich ein geeignetes Enzym hinzugefügt wird, das reverse Transkriptase Aktivität besitzt.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist daher ein Verfahren zur Template-abhängigen Elongation von Nukleinsäuren, wobei die Nukleinsäure nötigenfalls denaturiert, mit mindestens einem Primer unter Hybridisierungsbedingungen versehen wird, wobei der Primer komplementär zu einem flankierenden Bereich einer gewünschten Nukleinsäuresequenz des Templatestrangs ist und mit Hilfe einer Polymerase in Anwesenheit von Nukleotiden eine Primerelongation erfolgt, wobei als Polymerase ein erfindungsgemäßer thermostabiler in vitro-Komplex eingesetzt wird.

Verfahren zur Template-abhängigen Elongation von Nukleinsäuren, bei denen die Elongation ausgehend von einem Primer erfolgt, der an die Template-Nukleinsäure anhybridisiert wurde und ein freies 3'-OH-Ende für die Elongation zur Verfügung stellt, sind dem Fachmann bekannt. Zur Amplifikation wird insbesondere eine Polymerasekettenreaktion durchgeführt. Hierbei wird normalerweise von einer doppelsträngigen DNA-Sequenz ausgegangen, von welcher ein bestimmter Zielbereich amplifiziert werden soll. Hierbei werden zwei Primer eingesetzt, welche zu die Zielsequenz flankierenden Bereichen auf jeweils einem Teilstrang des DNA-Doppelstranges komplementär sind. Zur Anhybridisierung der Primer werden allerdings die DNA-Doppelstränge zuerst denaturiert, insbesondere thermisch aufgeschmolzen. Nach Anhybridisierung der Primer erfolgt eine Elongation mittels der Polymerase, daraufhin wird nochmals denaturiert und damit die neu gebildeten DNA-Stränge von den Template-Strängen getrennt, woraufhin für einen weiteren Elongationszyklus neben den ursprünglichen Templatesträngen auch die im ersten Schritt gebildeten Nukleinsäurestränge als Template zur Verfügung stehen, diese jeweils erneut mit Primern hybridisiert werden und eine erneute Elongation stattfindet. Diese Vorgehensweise wird zyklisch durchgeführt unter jeweils thermischer Denaturierung als Zwischenschritte.

Zur erfindungsgemäß bevorzugten Reversen Transkription von RNA in DNA wird ebenfalls ein erfindungsgemäßer thermostabiler in vitro-Komplex eingesetzt, wobei dessen Elongationsprotein eine Reverse Transkriptase-Aktivität aufweist. Diese Reverse Transkriptase-Aktivität kann die einzige Polymeraseaktivität des Elongationsproteins sein, kann aber auch zusätzlich zu einer vorhandenen 5'-3'-DNA-Polymeraseaktivität vorliegen.

Ein weiteres bevorzugtes erfindungsgemäßes Verfahren betrifft die Sequenzierung von Nukleinsäuren ausgehend von einem Primer, der zu einem der zu sequenzierenden Nukleinsäure benachbarten Bereich komplementär ist, wobei wiederum eine Template-abhängige Elongation oder aber bei Sequenzierung einer RNA eine Reverse Transkription unter Verwendung von Deoxynukleotiden und Dideoxynukleotiden gemäß der Methode von Sanger durchgeführt wird. Als Deoxynukleotide oder Dideoxynukleotide werden im Rahmen dieser bevorzugten Ausführungsform auch die oben beschriebenen jeweiligen Derivate als geeignet angesehen. Insbesondere ist es für die erfindungsgemäßen Verfahren zur Elongation von Nukleinsäuren bevorzugt, daß die gebildeten Nukleinsäuren markiert werden. Hierzu ist es möglich, markierte Primer oder/und markierte Deoxynukleotide oder/und markierte Dideoxynukleotide oder/und markierte Ribonukleotide oder jeweils entsprechende Derivate, wie sie oben bereits beispielsweise beschrieben sind, einzusetzen.

Wiederum ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Verfahren zur Markierung von Nukleinsäuren durch Einfügung einzelner Brüche in Phosphodiesterbindungen der Nukleinsäurekette und Ersatz eines Nukleotids an den Bruchstellen durch ein markiertes Nukleotid mit Hilfe einer Polymerase, wobei als Polymerase ein erfindungsgemäßer thermostabiler in vitro-Komplex eingesetzt wird.

Ein solches Verfahren, allgemein Nick-Translation genannt, ermöglicht eine einfache Markierung von Nukleinsäuren. Alle oben bereits beschriebenen markierten Ribonukleotide oder Deoxyribonukleotide oder Derivate davon sind hierfür geeignet, solange die Polymerase sie als Substrat akzeptiert.

Diese erfindungsgemäße Markierung kann z. B. auch im Rahmen oder anschließend an eine PCR-Reaktion erfolgen, wofür die erfindungsgemäße Verwendung eines thermostabilen in vitro-Komplexes besonders günstig ist.

Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ebenfalls ein Kit zur Elongation oder/und Amplifikation oder/und Reversen Transkription oder/und Sequenzierung von Nukleinsäuren, wobei dieser Kit in einem oder in mehreren Behältern vorliegen kann, enthaltend

- a) einen erfindungsgemäßen thermostabilen in vitro Komplex oder
- b) einen thermostabilen, akzessorischen in vitro-Komplex und ggf. separat davon ein Polymeraseaktivität aufweisendes Elongationsprotein sowie ggf. Primer, Puffersubstanzen, Nukleotide, ATP, andere Kofaktoren oder/und Pyrophosphat.

Insbesondere ist Gegenstand der vorliegenden Erfindung ein Kit zur Elongation, Amplifikation, Reversen Transkription, Markierung bzw. Sequenzierung von Nukleinsäuren, wobei zusätzlich Deoxynukleotide bzw. deren Derivate enthaltend sind.

Ein bevorzugter erfindungsgemäßer Reagenzienkit enthält daher zur Amplifikation von Nukleinsäuren neben den Substanzen a) oder b), welche 5'-3'-Polymeraseaktivität aufweisen, auch Deoxynukleotide oder/und Derivate davon. Gegebenenfalls können hier auch Ribonukleotide oder Derivate davon eingesetzt werden, nämlich dann, wenn eine Polymerase eingesetzt wird, welche auch Ribonukleotide als Substrat akzeptiert.

Ein weiterer bevorzugter Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Kit zur Sequenzierung von Nukleinsäuren, wobei zusätzlich zu Deoxynukleotiden bzw. deren Derivaten, Dideoxynukleotide bzw. deren Derivate zur Kettentermination enthaltend sind.

Desweiteren ist insbesondere Gegenstand der vorliegenden Erfindung ein Kit zur reversen Transkription von Nukleinsäuren, wobei entweder der erfindungsgemäße Komplex selbst reverse Transkriptase Aktivität besitzt, oder aber zusätzlich ein geeignetes Enzym anwesend ist, das reverse Transkriptase Aktivität besitzt, wobei Deoxynukleotide bzw. deren Derivate im Reaktionsgemisch enthalten sind.

In einer weiteren besonders bevorzugten Ausführungsform enthält der Kit Primer oder/und Deoxynukleotide oder/und Dideoxynukleotide oder/und Ribonukleotide oder/und deren jeweilige Derivate in markierter Form.

Insbesondere für die Sequenzierung von Nukleinsäuren ist es nötig, eine Markierung einzufügen. Geeignete Markierungen sind weiter oben bereits in beispielhafter Form beschrieben und gelten ebenso als bevorzugte Ausführungsformen im Rahmen der erfindungsgemäßen Reagenzienkits.

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung ist es weiterhin möglich, daß der Reagenzienkit zur Markierung von Nukleinsäuren im Rahmen einer sogenannten Nick-Translation eingesetzt wird. In diesem Fall enthält der Reagenzienkit die Bestandteile a) oder b) und markierte Nukleotide, wobei Puffersubstanzen, ATP oder andere Kofaktoren oder/und Pyrophosphat ebenfalls anwesend sein können. Primer werden allerdings im Rahmen einer Nick-Translation in der Regel nicht benötigt.

Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist desweiteren die Verwendung eines thermostabilen Gleitklammerproteins in in vitro Verfahren zur Elongation, Amplifikation, Markierung bzw. Sequenzierung oder Reversen Transkription von Nukleinsäuren.

Bevorzugt ist der Kit, wenn als Gleitklammerprotein ein thermostabiles Homolog zu dem PCNA-Protein (SEQ ID NO: 12, 13, 14, 15), dem PCNA-Homologen aus *Archaeoglobus fulgidus* oder dem β -clamp-Protein (SEQ ID NO: 35, 36) vorliegt. Insbesondere ist ein Kit bevorzugt, der zusätzlich ein Kopplungsprotein enthält.

Desweiteren ist ein Kit bevorzugt, der zusätzlich ein weiteres Protein enthaltend, wobei das weitere Protein als Klammerlader zur Verfügung steht, auch aus der Gruppe der Prokaryonten stammt und thermostabil ist.

Insbesondere ist ein Kit bevorzugt der einen geeigneten Puffer enthält, wie oben beschrieben. Bevorzugt ist ebenfalls, daß der erfindungsgemäße Kit zusätzlich eine Pyrophosphatase, ATP oder/und andere Kofaktoren enthält.

Die folgenden Beispiele sollen in Verbindung mit den Abbildungen die Erfindung näher erläutern:

Abbildungen

Im folgenden werden häufig Sequenznamen verwendet, unter denen die Protein- oder Nukleinsäuresequenzen in der Genbank und der EMBL Datenbank stehen.

Abb. 1

Proteinsequenzen, paarweise Alignments und multiple Alignments aus Archaeobakterien und den entsprechenden humanen Genen des Replikationsapparates.

Wobei die Annotation ¹ bedeutet %Identität zu dem entsprechenden humanen Gen, berechnet aus dem paarweisen Alignment (siehe Anhang) mit BLASTP 2.0.4 [Feb-24-1998] und die Annotation ² %Identität zu dem entsprechenden Gen von *Archaeoglobus fulgidus*, berechnet aus dem paarweisen Alignment (siehe Anhang) mit BLASTP 2.0.4 [Feb-24-1998] und die Annotation ³ %Identität zu dem entsprechenden humanen Gen, berechnet aus dem paarweisen Alignment mit FASTA 3.1.102 [March, 1998] ³ bedeutet. Die Verfahren werden näher beschrieben in:

Altschul, Stephen F., Thomas L. Madden, Alejandro A. Schaffer, Jinghui Zhang, Zheng Zhang, Webb Miller, and David J. Lipman (1997), "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs", *Nucleic Acids Res.* 25: 3389-3402 und W.R. Pearson & D.J. Lipman PNAS (1988) 85: 2444-2448. Die Abbildung zeigt im Falle des Gleitklammerladers I, Gleitklammerlader II, Gleitklammer, koppelnde Untereinheit und Elongationsprotein I die Sequenznamen aus den Datenbanken und ebenso deren SEQ ID Nummer, wobei die Werte in den Klammern jeweils Prozent Identität je Anzahl Aminosäuren darstellen. Im Falle des Elongationsprotein II beziehen sich die Werte auf Prozent Sequenzidentität zu der *Archaeoglobus fulgidus* Sequenz.

Abb. 2

Proteinsequenzen, paarweise Alignments und multiple Alignments aus Eubakterien des Replikationsapparates. Wobei die Annotation ¹ bedeutet %Identität zu dem entsprechenden Gen aus *E. coli*, berechnet aus dem paarweisen Alignment (siehe Anhang) mit BLASTP 2.0.4 [Feb-24-1998] ³. Das Verfahren wird in: Altschul, Stephen F., Thomas L. Madden, Alejandro A. Schaffer, Jinghui Zhang, Zheng Zhang, Webb Miller, and David J. Lipman (1997), "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs", *Nucleic Acids Res.* 25: 3389-3402 näher beschrieben.

Abb. 3

Skizze des Replikationsapparates in einer möglichen Variante, wobei die Gleitkammer über eine koppelnde Untereinheit an das Elongationsprotein bindet.

Abb. 4

Die Abb. 4 zeigt Alignments zweier konservierter Regionen des Gleitklammerproteins, sowie die daraus hergeleiteten Konsensussequenzen. Folgende Gene sind gezeigt: PCNA human (aus SEQ ID NO: 11), die entsprechende Sequenz aus *Archaeoglobus fulgidus* (aus SEQ ID NO: 12), aus *Methanococcus janashii* (aus SEQ ID NO: 13), aus *Pyrococcus horikoshii* (aus SEQ ID NO: 14) und aus *Methanococcus thermoautotrophicus* (aus SEQ ID NO: 15).

Abb. 5

Die Abb. 5 zeigt ein Alignment einer konservierten Regionen der koppelnden Untereinheit, sowie die daraus hergeleiteten Konsensussequenzen. Folgende Gene sind gezeigt: PfuORF2, DPD2_HUMAN, AF1790 und MJ0702. Die SEQ ID Nummern können Abb. 1 entnommen werden.

Abb. 6

Die Abb. 6 zeigt ein Alignment einer konservierten Regionen der koppelnden Untereinheit, sowie die daraus hergeleiteten Konsensussequenzen. Folgende Gene sind gezeigt: AC11_HUMAN, AF2060, MTH0241, PHBN012 und MJ1422. Die SEQ ID Nummern können Abb. 1 entnommen werden.

Abb. 7

Die Abb. 7 zeigt ein Alignment einer konservierten Regionen des Gleitklammerlader 2, sowie die daraus hergeleiteten Konsensussequenzen. Folgende Gene sind gezeigt: AC15_HUMAN, MJ0884, AF1195, MTH10240 und MTH10240. Die SEQ ID Nummern können Abb. 1 entnommen werden.

Abb. 8

Die Abb. 8 zeigt ein Alignment einer konservierten Regionen des Elongationsproteins 1, sowie die daraus hergeleiteten Konsensussequenzen. Folgende Gene sind gezeigt: DPOD_HUMAN, MJ0885, MTH1208, PHBT047 und DPOL_ARCFU. Die SEQ ID Nummern können Abb. 1 entnommen werden.

Abb. 9

Die Abb. 9 zeigt ein Alignment einer konservierten Regionen des Elongationsproteins 2, sowie die daraus hergeleiteten Konsensussequenzen. Folgende Gene sind gezeigt: AF1722, MJ1630, PfuORF3, MTH1536 und PHBN021. Die SEQ ID Nummern können Abb. 1 entnommen werden.

Abb. 10

Die Abb. 10 zeigt ein Alignment einer konservierten Regionen des Elongationsproteins aus Eubakterien, sowie die daraus hergeleiteten Konsensussequenzen. Folgende Gene sind gezeigt: DP3A_ECOLI: DNA Pol III, alpha subunit, Escherichia coli, BB0579: DNA Pol III, alpha subunit, Borrelia burgdorferi, DP3A_HELPY: DNA Pol III, alpha subunit, Helicobacter pylori AA50: Aquifex aeolicus, section 50 und DP3A_SALTY: DNA Pol III, alpha subunit, Salmonella typhimurium).

Abb. 11

Die Abb. 11 zeigt ein Alignment einer konservierten Regionen der Gleitklammer aus Eubakterien, sowie die daraus hergeleiteten Konsensussequenzen. Folgende Gene sind gezeigt: AAPOL3B, DP3B_ECOLI, S.TYPHIM, DP3B_PROMI, DP3B_PSEPU und DP3B_STRCO (AAPOL3B: Aquifex Aeolicus sektion 93: DP3B_ECOLI: DNA Pol III, beta chain, Escherichia coli S.TYPHIM: DNA Pol III, beta chain, Salmonella typhimurium P3B_PROMI: DNA Pol III, beta chain, Probeus mirabilis DP3B_PSEPU: DNA Pol III, beta chain, Pseudomonas putida DP3B_STRCO: DNA Pol III, beta chain, Strptomyces coelicolor).

Abb. 12

Multiples Alignment der Gleitklammer-proteinsequenzen zur Generierung des Hidden Markov Models.

Abb. 13

Multiples Alignment der eubakteriellen Gleitklammerproteinsequenzen zur Generierung des Hidden Markov Models (AAPOL3B: Aquifex Aeolicus sektion 93: DP3B_ECOLI: DNA Pol III, beta chain, Escherichia coli S.TYPHIM: DNA Pol III, beta chain, Salmonella typhimurium P3B_PROMI: DNA Pol III, beta chain, Probeus mirabilis DP3B_PSEPU: DNA Pol III, beta chain, Pseudomonas putida DP3B_STRCO: DNA Pol III, beta chain, Strptomyces coelicolor).

Abb. 14

Multiples Alignment der Gleitklammerlader 1 Proteinsequenzen zur Generierung des Hidden Markov Models.

Abb. 15

Multiples Alignment der Gleitklammerlader 2 Proteinsequenzen zur Generierung des Hidden Markov Models.

Abb. 16

Multiples Alignment der Proteinsequenzen der koppelnden Untereinheiten zur Generierung des Hidden Markov Models.

5

Abb. 17

Multiples Alignment der Sequenzen der Elongationsproteine 1 zur Generierung des Hidden Markov Models.

Abb. 18

10

Multiples Alignment der Sequenzen der Elongationsproteine 2 zur Generierung des Hidden Markov Models.

Abb. 19

15

Multiples Alignment der Sequenzen der eubakteriellen Elongationsproteine zur Generierung des Hidden Markov Models. Folgende Gene sind gezeigt:

DP3A_ECOLI: DNA Pol III, alpha subunit, Escherichia coli, BB0579: DNA Pol III, alpha subunit, Borrelia burgdorferi, DP3A_HELPY: DNA Pol III, alpha subunit, Helicobacter pylori AA50: Aquifex aeolicus, section 50 und DP3A_SALTY: DNA Pol III, alpha subunit, Salmonella typhimurium).

20

Beispiel

Die DNA wird mittels der bekannten Verfahren aus dem Organismus *Archaeoglobus fulgidus* (DSM No. 4304) gereinigt. Organismen Aufzucht geschieht hierbei durch die DSM (Deutsche Sammlung für Mikroorganismen). Um die entsprechenden Gene (Gleitklammerlader I/II, Gleitklammer, Elongationsproteine I/II, koppelnde Untereinheit) in den Expressionsvektor pTrc99 zu klonieren, werden für jedes Gen Primer entwickelt, die den vollständigen offenen Lesenrahmen umspannen, sowie Start- wie Stopcodon. Hierbei werden den Primern jeweils Restriktionsenden hinzugefügt, die die gerichtete Klonierung in den Expressionsvektor erleichtern. Unter Verwendung von etwa 200 ng Gesamtgenomischer DNA werden mit den entsprechenden Annealing-Temperaturen PCR Reaktionen gefahren (etwa 35 Zyklen) und die daraus resultierenden Produkte gereinigt. Nach der Reinigung werden die Produkte mit Restriktionsenzymen behandelt und über ein Agarosegel gereinigt um zur Ligation bereit zu stehen. Der Expressionsvektor wird mittels Restriktionsenzymen so linearisiert, gereinigt und verdünnt, daß er zur Ligation mit den Amplifikaten der akzessorischen Gene aus der obigen PCR bereit ist. Die Ligation wird angesetzt und nach Inkubation ein Aliquot in den *E. coli* Stamm INV α ph α F⁺ (Invitrogen) transformiert. Von jedem Gen werden 3 positive Kolonien gepickt, Plasmid DNA präpariert und die Inserts auf Vollständigkeit und Richtigkeit mittels DNA Sequenzierung überprüft. Korrekte Klone werden ausgesucht und erneut zur Vereinzelung auf Agarplatten (ampicillin) ausgebracht. Kolonien werden gepickt und Übernachtskulturen angesetzt. Ein Aliquot (500 μ l) der Übernachtskultur wird in eine ein bis fünf Liter Kultur von LB (Ampicillin: 80 mg/l) gegeben. Die Kulturen wachsen bis zu einer OD₆₆₀ von 0.8 bei 37°C nun wird zur Induktion IPTG zugegeben (125 mg/l). Diese Kulturen wachsen nun weitere 11 Stunden. Die Kulturen werden zentrifugiert und die Pellets in einem Puffer aufgenommen (Puffer A: 50 mM Tris-HCl pH 7.9, 50 mM Dextrose, 1 mM EDTA). Nach Zentrifugation werden die Zellen erneut aufgenommen, jedoch enthält Puffer A nun zusätzlich Lysozym (4 mg/ml). Nach Inkubation (15 min.) wird ein gleiches Volumen Puffer B zugegeben (B: 10 mM Tris-HCl pH 7.9, 50 mM KCl, 1 mM EDTA, 1 mM PMSF, 0.5% Tween 20, 0.5% Nonidet P40) und die Lyse zur Inkubation bei 75°C für eine Stunde gegeben. Nach Zentrifugation wird der Überstand entnommen und die überexprimierten Proteine werden mittels (NH₄)₂SO₄ ausgefällt. Die Pellets werden nach Zentrifugation gesammelt und die Proteine mit Puffer A resuspendiert. Die resuspendierten Proteine werden gegen Aufbewahrungspuffer (50 mM Tris-HCl pH 7.9, 50 mM KCl, 0.1 mM EDTA, 1 mM DTT, 0.5 mM PMSF, 50% Glycerol) dialysiert und anschließend bei -70°C gelagert.

Um die Aktivität der Proteine zu testen werden Reaktionen wie folgt zusammengesetzt: Aliquote der Proteine werden in unterschiedlichen Konfigurationen und Molaritäten vereint, Gleitklammerlader I/II mit Gleitklammer, koppelnder Untereinheit und Elongationsprotein I, oder Gleitklammerlader I/II mit Gleitklammer, mit und ohne koppelnder Untereinheit und Elongationsprotein II, oder Gleitklammer, und Elongationsprotein I oder II und schließlich nur Elongationsprotein I oder II; als Puffer dient der obige Aufbewahrungspuffer. DNA Polymerisationsaktivität wird mittels Inkorporation von (Methyl-³H) TTP in Trichlorsäure-unlösliches Material gemessen (Ishino, Y., Iwasaki, H., Fukui, H., Mineno, J., Kato, I., & Schinagawa, H. (1992) *Biochimie* 74, 131-136). Um die Prozessivität zu bestimmen werden die obigen Proteingemische in Primer-Elongationsexperimenten verwendet. Ein M13 Einzelstrangtemplate wird in 10 mM Tris-HCl (pH 9.4) eingebracht und gemeinsam mit einem Universal-primer (5'-FTTC markiert) erhitzt (92°C) und abgekühlt (Raumtemperatur). Verdünnungsserien des so generierten Template-Primer Gemisches werden in einer Reaktion bestehend aus Nukleotiden (etwa 200 μ M bis 1 mM), Reaktionspuffer (Endkonzentration: 50 mM KCl, 10 mM Tris-HCl (pH 8.3), 1.5-5 mM MgCl₂, ATP (0 mM-200 mM) und proteinstabilisierenden Agenzien zusammengeführt und für 10 Minuten bei 37°C, 52°, 62°, 68°, 74°, und 78° inkubiert. Ein Aliquot wird zur Analyse auf einen Sequenzautomaten geladen (z. B. Alf, Pharmacia Biotech). Die obigen Proteingemische dienen auch dazu Fidelity und Exonukleaseaktivität zu messen, wobei die in Kohler et al. (Proc. Natl. Acad. Sci. USA 88: 7958-7962 (1991) oder Chase et al. (J. Biol. Chem., 249: 4545-4552 (1972) beschriebenen Verfahren zur Anwendung kommen. Ebenso werden die Proteingemische in der PCR eingesetzt (Methods in Molecular Biology Vol. 15 Humana Press Totowa, New Jersey, 1993, edited by Bruce A. White).

(1) ALLGEMEINE ANGABEN:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: LION bioscience AG
(B) STRASSE: Im Neuenheimer Feld 517
(C) ORT: Heidelberg
(E) LAND: DE
(F) POSTLEITZAHL: 69120

(ii) BEZEICHNUNG DER ERFINDUNG: Akzessorische Komplexe mit Polymeraseaktivitaet

(iii) ANZAHL DER SEQUENZEN: 38

(iv) COMPUTER-LESBARE FASSUNG:

- (A) DATENTRÄGER: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) BETRIEBSSYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30 (EPA)

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 340 Aminosäuren
(B) ART: Aminosäure
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: beides

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: Homo sapiens

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

Met Glu Thr Ser Ala Leu Lys Gln Gln Glu Gln Pro Ala Ala Thr Lys
1 5 10 15

Ile Arg Asn Leu Pro Trp Val Glu Lys Tyr Arg Pro Gln Thr Leu Asn
20 25 30

DE 198 40 771 A 1

Asp Leu Ile Ser His Gln Asp Ile Leu Ser Thr Ile Gln Lys Phe Ile	
35 40 45	
Asn Glu Asp Arg Leu Pro His Leu Leu Leu Tyr Gly Pro Pro Gly Thr	5
50 55 60	
Gly Lys Thr Ser Thr Ile Leu Ala Cys Ala Lys Gln Leu Tyr Lys Asp	10
65 70 75 80	
Lys Glu Phe Gly Ser Met Val Leu Glu Leu Asn Ala Ser Asp Asp Arg	15
85 90 95	
Gly Ile Asp Ile Ile Arg Gly Pro Ile Leu Ser Phe Ala Ser Thr Arg	20
100 105 110	
Thr Ile Phe Lys Lys Gly Phe Lys Leu Val Ile Leu Asp Glu Ala Asp	25
115 120 125	
Ala Met Thr Gln Asp Ala Gln Asn Ala Leu Arg Arg Val Ile Glu Lys	30
130 135 140	
Phe Thr Glu Asn Thr Arg Phe Cys Leu Ile Cys Asn Tyr Leu Ser Lys	35
145 150 155 160	
Ile Ile Pro Ala Leu Gln Ser Arg Cys Thr Arg Phe Arg Phe Gly Pro	40
165 170 175	
Leu Thr Pro Glu Leu Met Val Pro Arg Leu Glu His Val Val Glu Glu	45
180 185 190	
Glu Lys Val Asp Ile Ser Glu Asp Gly Met Lys Ala Leu Val Thr Leu	50
195 200 205	
Ser Ser Gly Asp Met Arg Arg Ala Leu Asn Ile Leu Gln Ser Thr Asn	55
210 215 220	
Met Ala Phe Gly Lys Val Thr Glu Glu Thr Val Tyr Thr Cys Thr Gly	60
225 230 235 240	
His Pro Leu Lys Ser Asp Ile Ala Asn Ile Leu Asp Trp Met Leu Asn	65
245 250 255	
Gln Asp Phe Thr Thr Ala Tyr Arg Asn Ile Thr Glu Leu Lys Thr Leu	
260 265 270	
Lys Gly Leu Ala Leu His Asp Ile Leu Thr Glu Ile His Leu Phe Val	
275 280 285	

DE 198 40 771 A 1

His Arg Val Asp Phe Pro Ser Ser Val Arg Ile His Leu Leu Thr Lys
290 295 300

5 Met Ala Asp Ile Glu Tyr Arg Leu Ser Val Gly Thr Asn Glu Lys Ile
305 310 315 320

10 Gln Leu Ser Ser Leu Ile Ala Ala Phe Gln Val Thr Arg Asp Leu Ile
325 330 335

15 Val Ala Glu Ala
340

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 2:

20 (i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 319 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

30 (vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: Archaeoglobus fulgidus

35

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

40 Met Glu Asn Phe Glu Ile Trp Val Glu Lys Tyr Arg Pro Arg Thr Leu
1 5 10 15

45 Asp Glu Val Val Gly Gln Asp Glu Val Ile Gln Arg Leu Lys Gly Tyr
20 25 30

Val Glu Arg Lys Asn Ile Pro His Leu Leu Phe Ser Gly Pro Pro Gly
35 40 45

50 Thr Gly Lys Thr Ala Thr Ala Ile Ala Leu Ala Arg Asp Leu Phe Gly
50 55 60

55 Glu Asn Trp Arg Asp Asn Phe Ile Glu Met Asn Ala Ser Asp Glu Arg
65 70 75 80

60 Gly Ile Asp Val Val Arg His Lys Ile Lys Glu Phe Ala Arg Thr Ala
85 90 95

65

DE 198 40 771 A 1

Pro Ile Gly Gly Ala Pro Phe Lys Ile Ile Phe Leu Asp Glu Ala Asp
100 105 110

Ala Leu Thr Ala Asp Ala Gln Ala Ala Leu Arg Arg Thr Met Glu Met
115 120 125

Tyr Ser Lys Ser Cys Arg Phe Ile Leu Ser Cys Asn Tyr Val Ser Arg
130 135 140

Ile Ile Glu Pro Ile Gln Ser Arg Cys Ala Val Phe Arg Phe Lys Pro
145 150 155 160

Val Pro Lys Glu Ala Met Lys Lys Arg Leu Leu Glu Ile Cys Glu Lys
165 170 175

Glu Gly Val Lys Ile Thr Glu Asp Gly Leu Glu Ala Leu Ile Tyr Ile
180 185 190

Ser Gly Gly Asp Phe Arg Lys Ala Ile Asn Ala Leu Gln Gly Ala Ala
195 200 205

Ala Ile Gly Glu Val Val Asp Ala Asp Thr Ile Tyr Gln Ile Thr Ala
210 215 220

Thr Ala Arg Pro Glu Glu Met Thr Glu Leu Ile Gln Thr Ala Leu Lys
225 230 235 240

Gly Asn Phe Met Glu Ala Arg Glu Leu Leu Asp Arg Leu Met Val Glu
245 250 255

Tyr Gly Met Ser Gly Glu Asp Ile Val Ala Gln Leu Phe Arg Glu Ile
260 265 270

Ile Ser Met Pro Ile Lys Asp Ser Leu Lys Val Gln Leu Ile Asp Lys
275 280 285

Leu Gly Glu Val Asp Phe Arg Leu Thr Glu Gly Ala Asn Glu Arg Ile
290 295 300

Gln Leu Asp Ala Tyr Leu Ala Tyr Leu Ser Thr Leu Ala Lys Lys
305 310 315

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 1847 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: Methanococcus jannaschii

15 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

Met Val Ile Ile Met Glu Lys Pro Trp Val Glu Lys Tyr Arg Pro Lys
 1 5 10 15

20 Thr Leu Asp Asp Ile Val Gly Gln Asp Glu Ile Val Lys Arg Leu Lys
 20 25 30

25 Lys Tyr Val Glu Lys Lys Ser Met Pro His Leu Leu Phe Ser Gly Pro
 35 40 45

30 Pro Gly Val Gly Lys Cys Leu Thr Gly Asp Thr Lys Val Ile Val Asn
 50 55 60

35 Gly Glu Ile Arg Glu Ile Gly Glu Val Ile Glu Glu Ile Ser Asn Gly
 65 70 75 80

Lys Phe Gly Val Thr Leu Thr Asn Asn Leu Lys Val Leu Gly Ile Asp
 85 90 95

40 Glu Asp Gly Lys Ile Arg Glu Phe Asp Val Gln Tyr Val Tyr Lys Asp
 100 105 110

45 Lys Thr Asn Thr Leu Ile Lys Ile Lys Thr Lys Met Gly Arg Glu Leu
 115 120 125

50 Lys Val Thr Thr Tyr His Pro Leu Leu Ile Asn His Lys Asn Gly Glu
 130 135 140

Ile Lys Trp Glu Lys Ala Glu Asn Leu Lys Val Gly Asp Lys Leu Ala
 145 150 155 160

55 Thr Pro Arg Tyr Ile Leu Phe Asn Glu Ser Asp Tyr Asn Glu Glu Leu
 165 170 175

60 Ala Glu Trp Leu Gly Tyr Phe Ile Gly Asp Gly His Ala Asp Lys Glu
 180 185 190

65

DE 198 40 771 A 1

Ser Asn Lys Ile Thr Phe Thr Asn Gly Asp Glu Lys Leu Arg Lys Arg
195 200 205

Phe Ala Glu Leu Thr Glu Lys Leu Phe Lys Asp Ala Lys Ile Lys Glu
210 215 220

Arg Ile His Lys Asp Arg Thr Pro Asp Ile Tyr Val Asn Ser Lys Glu
225 230 235 240

Ala Val Glu Phe Ile Asp Lys Leu Gly Leu Arg Gly Lys Lys Ala Asp
245 250 255

Lys Val Arg Ile Pro Lys Glu Ile Met Arg Ser Asp Ala Leu Arg Ala
260 265 270

Phe Leu Arg Ala Tyr Phe Asp Cys Asp Gly Gly Ile Glu Lys His Ser
275 280 285

Ile Val Leu Ser Thr Ala Ser Lys Glu Met Ala Glu Asp Leu Val Tyr
290 295 300

Ala Leu Leu Arg Phe Gly Ile Ile Ala Lys Leu Arg Glu Lys Val Asn
305 310 315 320

Lys Asn Asn Asn Lys Val Tyr Tyr His Ile Val Ile Ser Asn Ser Ser
325 330 335

Asn Leu Arg Thr Phe Leu Asp Asn Ile Gly Phe Ser Gln Glu Arg Lys
340 345 350

Leu Lys Lys Leu Leu Glu Ile Ile Lys Asp Glu Asn Pro Asn Leu Asp
355 360 365

Val Ile Thr Ile Asp Lys Glu Lys Ile Arg Tyr Ile Arg Asp Arg Leu
370 375 380

Lys Val Lys Leu Thr Arg Asp Ile Glu Lys Asp Asn Trp Ser Tyr Asn
385 390 395 400

Lys Cys Arg Lys Ile Thr Gln Glu Leu Leu Lys Glu Ile Tyr Tyr Arg
405 410 415

Leu Glu Glu Leu Lys Glu Ile Glu Lys Ala Leu Glu Glu Asn Ile Leu
420 425 430

Ile Asp Trp Asp Glu Val Ala Glu Arg Arg Lys Glu Ile Ala Glu Lys
435 440 445

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

DE 198 40 771 A 1

Thr Gly Ile Arg Ser Asp Arg Ile Leu Glu Tyr Ile Arg Gly Lys Arg
 450 455 460
 5 Lys Pro Ser Leu Lys Asn Tyr Ile Lys Ile Ala Asn Thr Leu Gly Lys
 465 470 475 480
 10 Asn Ile Glu Lys Ile Ile Asp Ala Met Arg Ile Phe Ala Lys Lys Tyr
 485 490 495
 Ser Ser Tyr Ala Glu Ile Gly Lys Met Leu Asn Met Trp Asn Ser Ser
 15 500 505 510
 Ile Lys Ile Tyr Leu Glu Ser Asn Thr Gln Glu Ile Glu Lys Leu Glu
 515 520 525
 20 Glu Ile Arg Lys Thr Glu Leu Lys Leu Val Lys Glu Ile Leu Asn Asp
 530 535 540
 25 Glu Lys Leu Ile Asp Ser Ile Gly Tyr Val Leu Phe Leu Ala Ser Asn
 545 550 555 560
 30 Glu Ile Tyr Trp Asp Glu Ile Val Glu Ile Glu Gln Leu Asn Gly Glu
 565 570 575
 Phe Thr Ile Tyr Asp Leu His Val Pro Arg Tyr His Asn Phe Ile Gly
 35 580 585 590
 Gly Asn Leu Pro Thr Ile Leu His Asn Thr Thr Ala Ala Leu Cys Leu
 595 600 605
 40 Ala Arg Asp Leu Phe Gly Glu Asn Trp Arg Asp Asn Phe Leu Glu Leu
 610 615 620
 45 Asn Ala Ser Val Ser Lys Asp Thr Pro Ile Leu Val Lys Ile Asp Gly
 625 630 635 640
 Lys Val Lys Arg Thr Thr Phe Glu Glu Leu Asp Lys Ile Tyr Phe Glu
 50 645 650 655
 Thr Asn Asp Glu Asn Glu Met Tyr Lys Lys Val Asp Asn Leu Glu Val
 55 660 665 670
 Leu Thr Val Asp Glu Asn Phe Arg Val Arg Trp Arg Lys Val Ser Thr
 675 680 685
 60 Ile Ile Arg His Lys Val Asp Lys Ile Leu Arg Ile Lys Phe Glu Gly
 690 695 700
 65

DE 198 40 771 A 1

Gly Tyr Ile Glu Leu Thr Gly Asn His Ser Ile Met Met Leu Asp Glu	
705 710 715 720	
Asn Gly Leu Val Ala Lys Lys Ala Ser Asp Ile Lys Val Gly Asp Cys	5
725 730 735	
Phe Leu Ser Phe Val Ala Asn Ile Glu Gly Glu Lys Asp Arg Leu Asp	10
740 745 750	
Leu Lys Glu Phe Glu Pro Lys Asp Ile Thr Ser Arg Val Lys Ile Ile	15
755 760 765	
Asn Asp Phe Asp Ile Asp Glu Asp Thr Ala Trp Met Leu Gly Leu Tyr	20
770 775 780	
Val Ala Glu Gly Ala Val Gly Phe Lys Gly Lys Thr Ser Gly Gln Val	25
785 790 795 800	
Ile Tyr Thr Leu Gly Ser His Glu His Asp Leu Ile Asn Lys Leu Asn	30
805 810 815	
Asp Ile Val Asp Lys Lys Gly Phe Ser Lys Tyr Glu Asn Phe Thr Gly	35
820 825 830	
Ser Gly Phe Asp Arg Lys Arg Leu Ser Ala Lys Gln Ile Arg Ile Leu	40
835 840 845	
Asn Thr Gln Leu Ala Arg Phe Val Glu Glu Asn Phe Tyr Asp Gly Asn	45
850 855 860	
Gly Arg Arg Ala Arg Asn Lys Arg Ile Pro Asp Ile Ile Phe Glu Leu	50
865 870 875 880	
Lys Glu Asn Leu Arg Val Glu Phe Leu Lys Gly Leu Ala Asp Gly Asp	55
885 890 895	
Ser Ser Gly Asn Trp Arg Glu Val Val Arg Ile Ser Ser Lys Ser Asp	60
900 905 910	
Asn Leu Leu Ile Asp Thr Val Trp Leu Ala Arg Ile Ser Gly Ile Glu	65
915 920 925	
Ser Ser Ile Phe Glu Asn Glu Ala Arg Leu Ile Trp Lys Gly Gly Met	
930 935 940	
Lys Trp Lys Lys Ser Asn Leu Leu Pro Ala Glu Pro Ile Ile Lys Met	
945 950 955 960	

DE 198 40 771 A 1

Ile Lys Lys Leu Glu Asn Lys Ile Asn Gly Asn Trp Arg Tyr Ile Leu
965 970 975

⁵ Arg His Gln Leu Tyr Glu Gly Lys Lys Arg Val Ser Lys Asp Lys Ile
980 985 990

¹⁰ Lys Gln Ile Leu Glu Met Val Asn Val Glu Lys Leu Ser Asp Lys Glu
995 1000 1005

¹⁵ Lys Glu Val Tyr Asp Leu Leu Lys Lys Leu Ser Lys Thr Glu Leu Tyr
1010 1015 1020

Ala Leu Val Val Lys Glu Ile Glu Ile Ile Asp Tyr Asn Asp Phe Val
1025 1030 1035 1040

²⁰ Tyr Asp Val Ser Val Pro Asn Asn Glu Met Phe Phe Ala Gly Asn Val
1045 1050 1055

²⁵ Pro Ile Leu Leu His Asn Ser Asp Glu Arg Gly Ile Asp Val Ile Arg
1060 1065 1070

³⁰ Thr Lys Val Lys Asp Phe Ala Arg Thr Lys Pro Ile Gly Asp Val Pro
1075 1080 1085

³⁵ Phe Lys Ile Ile Phe Leu Asp Glu Ser Asp Ala Leu Thr Ala Asp Ala
1090 1095 1100

Gln Asn Ala Leu Arg Arg Thr Met Glu Lys Tyr Ser Asp Val Cys Arg
1105 1110 1115 1120

⁴⁰ Phe Ile Leu Ser Cys Leu Thr Gly Asp Ala Lys Ile Thr Leu Pro Asp
1125 1130 1135

⁴⁵ Glu Arg Glu Ile Lys Ile Glu Asp Phe Ile Lys Met Phe Glu Glu Arg
1140 1145 1150

⁵⁰ Lys Leu Lys His Val Leu Asn Arg Asn Gly Glu Asp Leu Val Leu Ala
1155 1160 1165

⁵⁵ Gly Val Lys Phe Asn Ser Lys Ile Val Asn His Lys Val Tyr Arg Leu
1170 1175 1180

Val Leu Glu Ser Gly Arg Glu Ile Glu Ala Thr Gly Asp His Lys Phe
1185 1190 1195 1200

⁶⁰ Leu Thr Arg Asp Gly Trp Lys Glu Val Tyr Glu Leu Lys Glu Asp Asp
1205 1210 1215

⁶⁵

DE 198 40 771 A 1

Glu Val Leu Val Tyr Pro Ala Leu Glu Gly Val Gly Phe Glu Val Asp
1220 1225 1230

Glu Arg Arg Ile Ile Gly Leu Asn Glu Phe Tyr Glu Phe Leu Thr Asn
1235 1240 1245

Tyr Glu Ile Lys Leu Gly Tyr Lys Pro Leu Gly Lys Ala Lys Ser Tyr
1250 1255 1260

Lys Glu Leu Ile Thr Arg Asp Lys Glu Lys Ile Leu Ser Arg Val Leu
1265 1270 1275 1280

Glu Leu Ser Asp Lys Tyr Ser Lys Ser Glu Ile Arg Arg Lys Ile Glu
1285 1290 1295

Glu Glu Phe Gly Ile Lys Ile Ser Leu Thr Thr Ile Lys Asn Leu Ile
1300 1305 1310

Asn Gly Lys Ile Asp Gly Phe Ala Leu Lys Tyr Val Arg Lys Ile Lys
1315 1320 1325

Glu Leu Gly Trp Asp Glu Ile Thr Tyr Asp Asp Glu Lys Ala Gly Ile
1330 1335 1340

Phe Ala Arg Leu Leu Gly Phe Ile Ile Gly Asp Gly His Leu Ser Lys
1345 1350 1355 1360

Ser Lys Glu Gly Arg Ile Leu Ile Thr Ala Thr Ile Asn Glu Leu Glu
1365 1370 1375

Gly Ile Lys Lys Asp Leu Glu Lys Leu Gly Ile Lys Ala Ser Asn Ile
1380 1385 1390

Ile Glu Lys Asp Ile Glu His Lys Leu Asp Gly Arg Glu Ile Lys Gly
1395 1400 1405

Lys Thr Ser Phe Ile Tyr Ile Asn Asn Lys Ala Phe Tyr Leu Leu Leu
1410 1415 1420

Asn Phe Trp Gly Val Glu Ile Gly Asn Lys Thr Ile Asn Gly Tyr Asn
1425 1430 1435 1440

Ile Pro Lys Trp Ile Lys Tyr Gly Asn Lys Phe Val Lys Arg Glu Phe
1445 1450 1455

Leu Arg Gly Leu Phe Gly Ala Asp Gly Thr Lys Pro Tyr Ile Lys Lys
1460 1465 1470

DE 198 40 771 A 1

Tyr Asn Ile Asn Gly Ile Lys Leu Gly Ile Arg Val Glu Asn Ile Ser
 1475 1480 1485
 5 Lys Asp Lys Thr Leu Glu Phe Phe Glu Glu Val Lys Lys Met Leu Glu
 1490 1495 1500
 10 Glu Phe Glu Val Glu Ser Tyr Ile Lys Val Ser Lys Ile Asp Asn Lys
 1505 1510 1515 1520
 Asn Leu Thr Glu Leu Ile Val Lys Ala Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Lys
 15 1525 1530 1535
 Tyr Leu Ser Arg Ile Ser Tyr Ala Tyr Glu Lys Asp Asn Phe Ala Arg
 1540 1545 1550
 20 Leu Val Gly Glu Tyr Leu Arg Ile Lys Glu Ala Tyr Lys Asp Ile Ile
 1555 1560 1565
 25 Leu Lys Glu Ile Ala Glu Asn Ala Leu Lys Glu Ala Asp Gly Glu Lys
 1570 1575 1580
 30 Ser Leu Arg Glu Leu Ala Arg Lys Tyr Asn Val Pro Val Asp Phe Ile
 1585 1590 1595 1600
 Ile Asn Gln Leu Lys Gly Lys Asp Ile Gly Leu Pro Arg Asn Phe Met
 35 1605 1610 1615
 Thr Phe Glu Glu Phe Leu Lys Glu Lys Val Val Asp Gly Lys Tyr Val
 1620 1625 1630
 40 Ser Glu Arg Ile Ile Lys Lys Glu Cys Ile Gly Tyr Arg Asp Val Tyr
 1635 1640 1645
 45 Asp Ile Thr Cys His Lys Asp Pro Ser Phe Ile Ala Asn Gly Phe Val
 1650 1655 1660
 Ser His Asn Cys Asn Tyr Pro Ser Lys Ile Ile Pro Pro Ile Gln Ser
 50 1665 1670 1675 1680
 Arg Cys Ala Val Phe Arg Phe Ser Pro Leu Lys Lys Glu Asp Ile Ala
 55 1685 1690 1695
 Lys Lys Leu Lys Glu Ile Ala Glu Lys Glu Gly Leu Asn Leu Thr Glu
 1700 1705 1710
 60 Ser Gly Leu Glu Ala Ile Ile Tyr Val Ser Glu Gly Asp Met Arg Lys
 1715 1720 1725

65

DE 198 40 771 A 1

Ala Ile Asn Val Leu Gln Thr Ala Ala Ala Leu Ser Asp Val Ile Asp
1730 1735 1740

Asp Glu Ile Val Tyr Lys Val Ser Ser Arg Ala Arg Pro Glu Glu Val
1745 1750 1755 1760

Lys Lys Met Met Glu Leu Ala Leu Asp Gly Lys Phe Met Glu Ala Arg
1765 1770 1775

Asp Leu Leu Tyr Lys Leu Met Val Glu Trp Gly Met Ser Gly Glu Asp
1780 1785 1790

Ile Leu Asn Gln Met Phe Arg Glu Ile Asn Ser Leu Asp Ile Asp Glu
1795 1800 1805

Arg Lys Lys Val Glu Leu Ala Asp Ala Ile Gly Glu Thr Asp Phe Arg
1810 1815 1820

Ile Val Glu Gly Ala Asn Glu Arg Ile Gln Leu Ser Ala Leu Leu Ala
1825 1830 1835 1840

Lys Met Ala Leu Met Gly Arg
1845

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 855 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: Pyrococcus horikoshii

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

Met His Asn Met Glu Glu Val Arg Glu Val Lys Val Leu Glu Lys Pro
1 5 10 15

Trp Val Glu Lys Tyr Arg Pro Gln Arg Leu Asp Glu Ile Val Gly Gln
20 25 30

DE 198 40 771 A 1

Glu His Ile Val Lys Arg Leu Lys His Tyr Val Lys Thr Gly Ser Met
 35 40 45
 5 Pro His Leu Leu Phe Ala Gly Pro Pro Gly Val Gly Lys Cys Leu Thr
 50 55 60
 10 Gly Asp Thr Lys Val Ile Ala Asn Gly Gln Leu Phe Glu Leu Arg Glu
 65 70 75 80
 15 Leu Val Glu Lys Ile Ser Gly Gly Lys Phe Gly Pro Thr Pro Val Lys
 85 90 95
 20 Gly Leu Lys Val Ile Gly Ile Asp Glu Asp Gly Lys Leu Arg Glu Phe
 100 105 110
 25 Arg Thr Arg Leu Gly Arg Glu Leu Lys Val Thr Pro Tyr His Pro Leu
 130 135 140
 30 Leu Val Asn Arg Arg Asn Gly Glu Ile Lys Trp Val Lys Ala Glu Glu
 145 150 155 160
 35 Leu Lys Pro Gly Asp Lys Leu Ala Val Pro Arg Phe Leu Pro Ile Val
 165 170 175
 40 Thr Gly Glu Asp Pro Leu Ala Glu Trp Leu Gly Tyr Phe Leu Gly Gly
 180 185 190
 45 Pro Leu Leu Arg Gln Arg Phe Met Glu Leu Thr Glu Lys Leu Phe Ser
 210 215 220
 50 Asp Ala Arg Ile Arg Glu Ile Thr His Glu Asn Gly Thr Ser Lys Val
 225 230 235 240
 55 Tyr Val Asn Ser Lys Lys Ala Leu Lys Leu Val Asn Ser Leu Gly Asn
 245 250 255
 60 Ala His Ile Pro Lys Glu Cys Trp Arg Gly Ile Arg Ser Phe Leu Arg
 260 265 270
 65 Ala Tyr Phe Asp Cys Asn Gly Gly Val Lys Gly Asn Ala Ile Val Leu
 275 280 285

DE 198 40 771 A 1

Ala Thr Ala Ser Lys Glu Met Ser Gln Glu Ile Ala Tyr Ala Leu Ala	
290 295 300	
Gly Phe Gly Ile Ile Ser Arg Ile Gln Glu Tyr Arg Val Ile Ile Ser	5
305 310 315 320	
Gly Ser Asp Asn Val Lys Lys Phe Leu Asn Glu Ile Gly Phe Ile Asn	10
325 330 335	
Arg Asn Lys Leu Glu Lys Ala Leu Lys Leu Val Lys Lys Asp Asp Pro	15
340 345 350	
Gly His Asp Gly Leu Glu Ile Asn Tyr Glu Leu Ile Ser Tyr Val Lys	20
355 360 365	
Asp Arg Leu Arg Leu Ser Phe Phe Asn Asp Lys Arg Ser Trp Ser Tyr	25
370 375 380	
Arg Glu Ala Lys Glu Ile Ser Trp Glu Leu Met Lys Glu Ile Tyr Tyr	30
385 390 395 400	
Arg Leu Asp Glu Leu Glu Lys Leu Lys Glu Ser Leu Ser Arg Gly Ile	35
405 410 415	
Leu Ile Asp Trp Asn Glu Val Ala Lys Arg Ile Glu Glu Val Ala Glu	40
420 425 430	
Glu Thr Gly Ile Arg Ala Asp Glu Leu Leu Glu Tyr Ile Glu Gly Lys	45
435 440 445	
Arg Lys Leu Ser Phe Lys Asp Tyr Ile Lys Ile Ala Lys Val Leu Gly	50
450 455 460	
Ile Asp Val Glu His Thr Ile Glu Ala Met Arg Val Phe Ala Arg Lys	55
465 470 475 480	
Tyr Ser Ser Tyr Ala Glu Ile Gly Arg Arg Leu Gly Thr Trp Asn Ser	60
485 490 495	
Ser Val Lys Thr Ile Leu Glu Ser Asn Ala Val Asn Val Glu Ile Leu	65
500 505 510	
Glu Arg Ile Arg Lys Ile Glu Leu Glu Leu Ile Glu Glu Ile Leu Ser	
515 520 525	
Asp Glu Lys Leu Lys Glu Gly Ile Ala Tyr Leu Ile Phe Leu Ser Gln	
530 535 540	

DE 198 40 771 A 1

Asn Glu Leu Tyr Trp Asp Glu Ile Thr Lys Val Glu Glu Leu Arg Gly
 545 550 555 560
 5 Glu Phe Ile Ile Tyr Asp Leu His Val Pro Gly Tyr His Asn Phe Ile
 565 570 575
 10 Ala Gly Asn Met Pro Thr Val Val His Asn Thr Thr Ala Ala Leu Ala
 580 585 590
 Leu Ser Arg Glu Leu Phe Gly Glu Asn Trp Arg His Asn Phe Leu Glu
 15 595 600 605
 Leu Asn Ala Ser Asp Glu Arg Gly Ile Asn Val Ile Arg Glu Lys Val
 610 615 620
 20 Lys Glu Phe Ala Arg Thr Lys Pro Ile Gly Gly Ala Ser Phe Lys Ile
 625 630 635 640
 25 Ile Phe Leu Asp Glu Ala Asp Ala Leu Thr Gln Asp Ala Gln Gln Ala
 645 650 655
 Leu Arg Arg Thr Met Glu Met Phe Ser Ser Asn Val Arg Phe Ile Leu
 30 660 665 670
 Ser Cys Asn Tyr Ser Ser Lys Ile Ile Glu Pro Ile Gln Ser Arg Cys
 35 675 680 685
 Ala Ile Phe Arg Phe Arg Pro Leu Arg Asp Glu Asp Ile Ala Lys Arg
 690 695 700
 40 Leu Arg Tyr Ile Ala Glu Asn Glu Gly Leu Glu Leu Thr Glu Glu Gly
 705 710 715 720
 45 Leu Gln Ala Ile Leu Tyr Ile Ala Glu Gly Asp Met Arg Arg Ala Ile
 725 730 735
 Asn Ile Leu Gln Ala Ala Ala Ala Leu Asp Lys Lys Ile Thr Asp Glu
 50 740 745 750
 Asn Val Phe Met Val Ala Ser Arg Ala Arg Pro Glu Asp Ile Arg Glu
 55 755 760 765
 Met Met Leu Leu Ala Leu Lys Gly Asn Phe Leu Lys Ala Arg Glu Lys
 770 775 780
 60 Leu Arg Glu Ile Leu Leu Lys Gln Gly Leu Ser Gly Glu Asp Val Leu
 785 790 795 800
 65

DE 198 40 771 A 1

Lys Pro Val Gly Ala Pro Phe Arg Ile Ile Phe Leu Asp Glu Val Asp
 100 105 110
 5 Asn Met Thr Lys Asp Ala Gln His Ala Leu Arg Arg Glu Met Glu Met
 115 120 125
 10 Tyr Thr Lys Thr Ser Ser Phe Ile Leu Ser Cys Asn Tyr Ser Ser Lys
 130 135 140
 Ile Ile Asp Pro Ile Gln Ser Arg Cys Ala Ile Phe Arg Phe Leu Pro
 15 145 150 155 160
 Leu Lys Gly His Gln Ile Ile Lys Arg Leu Glu Tyr Ile Ala Glu Lys
 165 170 175
 20 Glu Asn Leu Glu Tyr Glu Ala His Ala Leu Glu Thr Ile Val Tyr Phe
 180 185 190
 25 Ala Glu Gly Asp Leu Arg Lys Ala Ile Asn Leu Leu Gln Ser Ala Ala
 195 200 205
 30 Ser Leu Gly Glu Lys Ile Thr Glu Ser Ser Ile Tyr Asp Val Val Ser
 210 215 220
 Arg Ala Arg Pro Lys Asp Val Arg Lys Met Ile Lys Thr Ile Leu Asp
 35 225 230 235 240
 Gly Lys Phe Met Glu Ala Arg Asp Met Leu Arg Glu Ile Met Val Leu
 245 250 255
 40 Gln Gly Ile Ser Gly Glu Asp Met Val Thr Gln Ile Tyr Gln Glu Leu
 260 265 270
 45 Ser Arg Leu Ala Met Glu Gly Glu Val Asp Gly Asp Arg Tyr Val Gly
 275 280 285
 Leu Ile Asp Ala Ile Gly Glu Tyr Asp Phe Arg Ile Arg Glu Gly Ala
 50 290 295 300
 Asn Pro Arg Ile Gln Leu Glu Ala Leu Leu Ala Arg Phe Leu Glu His
 55 305 310 315 320
 Ala

60

65

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 1148 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: Homo sapiens

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

Met Asp Ile Arg Lys Phe Phe Gly Val Ile Pro Ser Gly Lys Lys Leu
 1 5 10 15

Val Ser Glu Thr Val Lys Lys Asn Glu Lys Thr Lys Ser Asp Glu Glu
 20 25 30

Thr Leu Lys Ala Lys Lys Gly Ile Lys Glu Ile Lys Val Asn Ser Ser
 35 40 45

Arg Lys Glu Asp Asp Phe Lys Gln Lys Gln Pro Ser Lys Lys Lys Arg
 50 55 60

Ile Ile Tyr Asp Ser Asp Ser Glu Ser Glu Glu Thr Leu Gln Val Lys
 65 70 75 80

Asn Ala Lys Lys Pro Pro Glu Lys Leu Pro Val Ser Ser Lys Pro Gly
 85 90 95

Lys Ile Ser Arg Gln Asp Pro Val Thr Tyr Ile Ser Glu Thr Asp Glu
 100 105 110

Glu Asp Asp Phe Met Cys Lys Lys Ala Ala Ser Lys Ser Lys Glu Asn
 115 120 125

Gly Arg Ser Thr Asn Ser His Leu Gly Thr Ser Asn Met Lys Lys Asn
 130 135 140

Glu Glu Asn Thr Lys Thr Lys Asn Lys Pro Leu Ser Pro Ile Lys Leu
 145 150 155 160

DE 198 40 771 A 1

Thr Pro Thr Ser Val Leu Asp Tyr Phe Gly Thr Gly Ser Val Gln Arg
 165 170 175
 5 Ser Asn Lys Lys Met Val Ala Ser Lys Arg Lys Glu Leu Ser Gln Asn
 180 185 190
 10 Thr Asp Glu Ser Gly Leu Asn Asp Glu Ala Ile Ala Lys Gln Leu Gln
 195 200 205
 Leu Asp Glu Asp Ala Glu Leu Glu Arg Gln Leu His Glu Asp Glu Glu
 15 210 215 220
 Phe Ala Arg Thr Leu Ala Met Leu Asp Glu Glu Pro Lys Thr Lys Lys
 225 230 235 240
 20 Ala Arg Lys Asp Thr Glu Ala Gly Glu Thr Phe Ser Ser Val Gln Ala
 245 250 255
 25 Asn Leu Ser Lys Ala Glu Lys His Lys Tyr Pro His Lys Val Lys Thr
 260 265 270
 Ala Gln Val Ser Asp Glu Arg Lys Ser Tyr Ser Pro Arg Lys Gln Ser
 30 275 280 285
 Lys Tyr Glu Ser Ser Lys Glu Ser Gln Gln His Ser Lys Ser Ser Ala
 35 290 295 300
 Asp Lys Ile Gly Glu Val Ser Ser Pro Lys Ala Ser Ser Lys Leu Ala
 305 310 315 320
 40 Ile Met Lys Arg Lys Lys Glu Ser Ser Tyr Lys Glu Ile Glu Pro Val
 325 330 335
 45 Ala Ser Lys Arg Lys Glu Asn Ala Ile Lys Leu Lys Gly Glu Thr Lys
 340 345 350
 Thr Pro Lys Lys Thr Lys Ser Ser Pro Ala Lys Lys Glu Ser Val Ser
 50 355 360 365
 Pro Glu Asp Ser Glu Lys Lys Arg Thr Asn Tyr Gln Ala Tyr Arg Ser
 55 370 375 380
 Tyr Leu Asn Arg Glu Gly Pro Lys Ala Leu Gly Ser Lys Glu Ile Pro
 385 390 395 400
 60 Lys Gly Ala Glu Asn Cys Leu Glu Gly Leu Ile Phe Val Ile Thr Gly
 405 410 415
 65

DE 198 40 771 A 1

Val Leu Glu Ser Ile Glu Arg Asp Glu Ala Lys Ser Leu Ile Glu Arg	
420 425 430	
Tyr Gly Gly Lys Val Thr Gly Asn Val Ser Lys Lys Thr Asn Tyr Leu	5
435 440 445	
Val Met Gly Arg Asp Ser Gly Gln Ser Lys Ser Asp Lys Ala Ala Ala	10
450 455 460	
Leu Gly Thr Lys Ile Ile Asp Glu Asp Gly Leu Leu Asn Leu Ile Arg	15
465 470 475 480	
Thr Met Pro Gly Lys Lys Ser Lys Tyr Glu Ile Ala Val Glu Thr Glu	20
485 490 495	
Met Lys Lys Glu Ser Lys Leu Glu Arg Thr Pro Gln Lys Asn Val Gln	25
500 505 510	
Gly Lys Arg Lys Ile Ser Pro Ser Lys Lys Glu Ser Glu Ser Lys Lys	30
515 520 525	
Ser Arg Pro Thr Ser Lys Arg Asp Ser Leu Ala Lys Thr Ile Lys Lys	35
530 535 540	
Glu Thr Asp Val Phe Trp Lys Ser Leu Asp Phe Lys Glu Gln Val Ala	40
545 550 555 560	
Glu Glu Thr Ser Gly Asp Ser Lys Ala Arg Asn Leu Ala Asp Asp Ser	45
565 570 575	
Ser Glu Asn Lys Val Glu Asn Leu Leu Trp Val Asp Lys Tyr Lys Pro	50
580 585 590	
Thr Ser Leu Lys Thr Ile Ile Gly Gln Gln Gly Asp Gln Ser Cys Ala	55
595 600 605	
Asn Lys Leu Leu Arg Trp Leu Arg Asn Trp Gln Lys Ser Ser Ser Glu	60
610 615 620	
Asp Lys Lys His Ala Ala Lys Phe Gly Lys Phe Ser Gly Lys Asp Asp	65
625 630 635 640	
Gly Ser Ser Phe Lys Ala Ala Leu Leu Ser Gly Pro Pro Gly Val Gly	
645 650 655	
Lys Thr Thr Thr Ala Ser Leu Val Cys Gln Glu Leu Gly Tyr Ser Tyr	
660 665 670	

DE 198 40 771 A 1

Val Glu Leu Asn Ala Ser Asp Thr Arg Ser Lys Ser Ser Leu Lys Ala
675 680 685

⁵ Ile Val Ala Glu Ser Leu Asn Asn Thr Ser Ile Lys Gly Phe Tyr Ser
690 695 700

¹⁰ Asn Gly Ala Ala Ser Ser Val Ser Thr Lys His Ala Leu Ile Met Asp
705 710 715 720

¹⁵ Glu Val Asp Gly Met Ala Gly Asn Glu Asp Arg Gly Gly Ile Gln Glu
725 730 735

Leu Ile Gly Leu Ile Lys His Thr Lys Ile Pro Ile Ile Cys Met Cys
740 745 750

²⁰ Asn Asp Arg Asn His Pro Lys Ile Arg Ser Leu Val His Tyr Cys Phe
755 760 765

²⁵ Asp Leu Arg Phe Gln Arg Pro Arg Val Glu Gln Ile Lys Gly Ala Met
770 775 780

³⁰ Met Ser Ile Ala Phe Lys Glu Gly Leu Lys Ile Pro Pro Pro Ala Met
785 790 795 800

Asn Glu Ile Ile Leu Gly Ala Asn Gln Asp Ile Arg Gln Val Leu His
805 810 815

³⁵ Asn Leu Ser Met Trp Cys Ala Arg Ser Lys Ala Leu Thr Tyr Asp Gln
820 825 830

⁴⁰ Ala Lys Ala Asp Ser His Arg Ala Lys Lys Asp Ile Lys Met Gly Pro
835 840 845

⁴⁵ Phe Asp Val Ala Arg Lys Val Phe Ala Ala Gly Glu Glu Thr Ala His
850 855 860

⁵⁰ Met Ser Leu Val Asp Lys Ser Asp Leu Phe Phe His Asp Tyr Ser Ile
865 870 875 880

Ala Pro Leu Phe Val Gln Glu Asn Tyr Ile His Val Lys Pro Val Ala
885 890 895

⁵⁵ Ala Gly Gly Asp Met Lys Lys His Leu Met Leu Leu Ser Arg Ala Ala
900 905 910

⁶⁰ Asp Ser Ile Cys Asp Gly Asp Leu Val Asp Ser Gln Ile Arg Ser Lys
915 920 925

⁶⁵

DE 198 40 771 A 1

Gln Asn Trp Ser Leu Leu Pro Ala Gln Ala Ile Tyr Ala Ser Val Leu
930 935 940

Pro Gly Glu Leu Met Arg Gly Tyr Met Thr Gln Phe Pro Thr Phe Pro
945 950 955 960

Ser Trp Leu Gly Lys His Ser Ser Thr Gly Lys His Asp Arg Ile Val
965 970 975

Gln Asp Leu Ala Leu His Met Ser Leu Arg Thr Tyr Ser Ser Lys Arg
980 985 990

Thr Val Asn Met Asp Tyr Leu Ser Leu Leu Arg Asp Ala Leu Val Gln
995 1000 1005

Pro Leu Thr Ser Gln Gly Val Asp Gly Val Gln Asp Val Val Ala Leu
1010 1015 1020

Met Asp Thr Tyr Tyr Leu Met Lys Glu Asp Phe Glu Asn Ile Met Glu
1025 1030 1035 1040

Ile Ser Ser Trp Gly Gly Lys Pro Ser Pro Phe Ser Lys Leu Asp Pro
1045 1050 1055

Lys Val Lys Ala Ala Phe Thr Arg Ala Tyr Asn Lys Glu Ala His Leu
1060 1065 1070

Thr Pro Tyr Ser Leu Gln Ala Ile Lys Ala Ser Arg His Ser Thr Ser
1075 1080 1085

Pro Ser Leu Asp Ser Glu Tyr Asn Glu Glu Leu Asn Glu Asp Asp Ser
1090 1095 1100

Gln Ser Asp Glu Lys Asp Gln Asp Ala Ile Glu Thr Asp Ala Met Ile
1105 1110 1115 1120

Lys Lys Lys Thr Lys Ser Ser Lys Pro Ser Lys Pro Glu Lys Asp Lys
1125 1130 1135

Glu Pro Arg Lys Gly Lys Gly Lys Ser Ser Lys Lys
1140 1145

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 479 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: Archaeoglobus fulgidus

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

Met Leu Trp Val Glu Lys Tyr Arg Pro Lys Thr Leu Glu Glu Val Val
 1 5 10 15

Ala Asp Lys Ser Ile Ile Thr Arg Val Ile Lys Trp Ala Lys Ser Trp
 20 25 30

Lys Arg Gly Ser Lys Pro Leu Leu Leu Ala Gly Pro Pro Gly Val Gly
 35 40 45

Lys Thr Ser Leu Ala Leu Ala Leu Ala Asn Thr Met Gly Trp Glu Ala
 50 55 60

Val Glu Leu Asn Ala Ser Asp Gln Arg Ser Trp Arg Val Ile Glu Arg
 65 70 75 80

Ile Val Gly Glu Gly Ala Phe Asn Glu Thr Ile Ser Asp Glu Gly Glu
 85 90 95

Phe Leu Ser Ser Arg Ile Gly Lys Leu Lys Leu Ile Ile Leu Asp Glu
 100 105 110

Val Asp Asn Ile His Lys Lys Glu Asp Val Gly Gly Glu Ala Ala Leu
 115 120 125

Ile Arg Leu Ile Lys Arg Lys Pro Ala Gln Pro Leu Ile Leu Ile Ala
 130 135 140

Asn Asp Pro Tyr Lys Leu Ser Pro Glu Leu Arg Asn Leu Cys Glu Met
 145 150 155 160

Ile Asn Phe Lys Arg Leu Thr Lys Gln Gln Val Ala Arg Val Leu Glu
 165 170 175

Arg Ile Ala Leu Lys Glu Gly Ile Lys Val Asp Lys Ser Val Leu Leu
 180 185 190

DE 198 40 771 A 1

Lys Ile Ala Glu Asn Ala Gly Gly Asp Leu Arg Ala Ala Ile Asn Asp	
195 200 205	
Phe Gln Ala Leu Ala Glu Gly Lys Glu Glu Leu Lys Pro Glu Asp Val	5
210 215 220	
Phe Leu Thr Lys Arg Thr Gln Glu Lys Asp Ile Phe Arg Val Met Gln	10
225 230 235 240	
Met Ile Phe Lys Thr Lys Asn Pro Ala Val Tyr Asn Glu Ala Met Leu	15
245 250 255	
Leu Asp Glu Ser Pro Glu Asp Val Ile His Trp Val Asp Glu Asn Leu	20
260 265 270	
Pro Leu Glu Tyr Ser Gly Val Glu Leu Val Asn Ala Tyr Glu Ala Leu	25
275 280 285	
Ser Arg Ala Asp Ile Phe Leu Gly Arg Val Arg Arg Arg Gln Phe Tyr	30
290 295 300	
Arg Leu Trp Lys Tyr Ala Ser Tyr Leu Met Thr Val Gly Val Gln Gln	35
305 310 315 320	
Met Lys Glu Glu Pro Lys Lys Gly Phe Thr Arg Tyr Arg Arg Pro Ala	40
325 330 335	
Val Trp Gln Met Leu Phe Gln Leu Arg Gln Lys Arg Glu Met Thr Arg	45
340 345 350	
Lys Ile Leu Glu Lys Ile Gly Lys Tyr Ser His Leu Ser Met Arg Lys	50
355 360 365	
Ala Arg Thr Glu Met Phe Pro Val Ile Lys Leu Leu Lys Glu Leu	55
370 375 380	
Asp Val Asp Lys Ala Ala Thr Ile Ala Ala Phe Tyr Glu Phe Thr Lys	60
385 390 395 400	
Glu Glu Leu Glu Phe Leu Val Gly Glu Lys Gly Asp Glu Ile Trp Lys	65
405 410 415	
Tyr Val Glu Lys His Gly Met His Arg Ile Glu Asp Glu Thr Phe Leu	
420 425 430	
Glu Ser Phe Val Lys Ala Glu Lys Glu Glu Lys Glu Glu Ser Val Glu	
435 440 445	

DE 198 40 771 A 1

Glu Val Ala Glu Glu Lys Pro Glu Glu Glu Arg Glu Glu Pro Arg Ala
450 455 460

5 Arg Lys Lys Ala Gly Lys Asn Leu Thr Leu Asp Ser Phe Phe Ser
465 470 475

10 (2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

15 (A) LÄNGE: 516 Aminosäuren
(B) ART: Aminosäure
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: Methanococcus jannaschii

30 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

Met Leu Ser Trp Val Glu Lys Tyr Arg Pro Lys Ser Leu Lys Asp Val
1 5 10 15

35 Ala Gly His Glu Lys Val Lys Glu Lys Leu Lys Thr Trp Ile Glu Ser
20 25 30

40 Tyr Leu Lys Gly Glu Thr Pro Lys Pro Ile Leu Leu Val Gly Pro Pro
35 40 45

45 Gly Cys Gly Lys Thr Thr Leu Ala Tyr Ala Leu Ala Asn Asp Tyr Gly
50 55 60

Phe Glu Val Ile Glu Leu Asn Ala Ser Asp Lys Arg Asn Ser Ser Ala
65 70 75 80

50 Ile Lys Lys Val Val Gly His Ala Ala Thr Ser Ser Ser Ile Phe Gly
85 90 95

55 Lys Lys Phe Leu Ile Val Leu Asp Glu Val Asp Gly Ile Ser Gly Lys
100 105 110

60 Glu Asp Ala Gly Gly Val Ser Glu Leu Ile Lys Val Ile Lys Lys Ala
115 120 125

65

DE 198 40 771 A 1

Lys Asn Pro Ile Ile Leu Thr Ala Asn Asp Ala Tyr Ala Pro Ser Ile	
130 135 140	
Arg Ser Leu Leu Pro Tyr Val Glu Val Ile Gln Leu Asn Pro Val His	5
145 150 155 160	
Thr Asn Ser Val Tyr Lys Val Leu Lys Lys Ile Ala Glu Lys Glu Gly	10
165 170 175	
Leu Asp Val Asp Asp Lys Thr Leu Lys Met Ile Ala Gln His Ser Ala	15
180 185 190	
Gly Asp Leu Arg Ser Ala Ile Asn Asp Leu Glu Ala Leu Ala Leu Ser	20
195 200 205	
Gly Asp Leu Ser Tyr Glu Ala Ala Gln Lys Leu Pro Asp Arg Lys Arg	25
210 215 220	
Glu Ala Asn Ile Phe Asp Ala Leu Arg Val Ile Leu Lys Thr Thr His	30
225 230 235 240	
Tyr Gly Ile Ala Thr Thr Ala Leu Met Asn Val Asp Glu Thr Pro Asp	35
245 250 255	
Val Val Ile Glu Trp Ile Ala Glu Asn Val Pro Lys Glu Tyr Glu Lys	40
260 265 270	
Pro Glu Glu Val Ala Arg Ala Phe Glu Tyr Leu Ser Lys Ala Asp Arg	45
275 280 285	
Tyr Leu Gly Arg Val Met Arg Arg Gln Asn Tyr Ser Phe Trp Lys Tyr	50
290 295 300	
Ala Thr Thr Leu Met Thr Ala Gly Val Ala Leu Ser Lys Asp Glu Lys	55
305 310 315 320	
Tyr Arg Lys Trp Thr Pro Tyr Ser Tyr Pro Lys Ile Phe Arg Leu Leu	60
325 330 335	
Thr Lys Thr Lys Ala Glu Arg Glu Ile Leu Asn Lys Ile Leu Lys Lys	65
340 345 350	
Ile Gly Glu Lys Thr His Thr Ser Ser Lys Arg Ala Arg Phe Asp Leu	
355 360 365	
Gln Met Leu Lys Leu Leu Ala Lys Glu Asn Pro Ser Val Ala Ala Asp	
370 375 380	

DE 198 40 771 A 1

Leu Val Asp Tyr Phe Glu Ile Lys Glu Asp Glu Leu Lys Val Leu Val
385 390 395 400

5 Gly Asp Lys Leu Ala Ser Glu Ile Leu Lys Ile Leu Lys Glu Lys Lys
405 410 415

10 Lys Leu Glu Arg Lys Lys Lys Lys Glu Lys Glu Lys Leu Glu Lys Glu
420 425 430

15 Lys Lys Lys Glu Glu Lys Ala Lys Glu Lys Gln Ser Asn Leu Ile Ile
435 440 445

Gln Pro Lys Glu Ile Lys Glu Glu Val Lys Ala Glu Val Glu Lys Lys
450 455 460

20 Glu Glu Val Lys Glu Lys Ile Val Glu Lys Pro Lys Ala Glu Glu Val
465 470 475 480

25 Lys Glu Lys Ser Lys Thr Glu Glu Lys Glu Thr Lys Lys Asp Lys Lys
485 490 495

30 Lys Gly Lys Lys Lys Lys Glu Asp Lys Gly Lys Gln Leu Thr Leu Asp
500 505 510

35 Ala Phe Phe Lys
515

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 9:

- 40 (i) SEQUENZKENNZEICHEN:
(A) LÄNGE: 468 Aminosäuren
(B) ART: Aminosäure
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
45 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein
- 50 (vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: *Pyrococcus horikoshii*

- 55 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

60 Met Pro Asp Val Pro Trp Ile Glu Lys Tyr Arg Pro Arg Lys Leu Ser
1 5 10 15

65

DE 198 40 771 A 1

Glu Ile Val Asn Gln Glu Gln Ala Leu Glu Lys Val Arg Ala Trp Ile	
20 25 30	
Glu Ser Trp Leu His Gly Asn Pro Pro Lys Lys Lys Ala Leu Leu Leu	5
35 40 45	
Ala Gly Pro Pro Gly Ser Gly Lys Thr Thr Thr Val Tyr Ala Leu Ala	10
50 55 60	
His Glu Tyr Asn Phe Glu Val Ile Glu Leu Asn Ala Ser Asp Glu Arg	15
65 70 75 80	
Thr Tyr Asn Lys Ile Ala Arg Tyr Val Gln Ala Ala Tyr Thr Met Asp	20
85 90 95	
Ile Met Gly Lys Arg Arg Lys Ile Ile Phe Leu Asp Glu Ala Asp Asn	25
100 105 110	
Ile Glu Pro Ser Gly Ala Pro Glu Ile Ala Lys Leu Ile Asp Lys Ala	30
115 120 125	
Arg Asn Pro Ile Ile Met Ala Ala Asn His Tyr Trp Glu Val Pro Lys	35
130 135 140	
Glu Ile Arg Asp Arg Ala Glu Leu Val Glu Tyr Lys Arg Leu Asn Gln	40
145 150 155 160	
Arg Asp Val Ile Ser Ala Leu Val Arg Ile Leu Lys Arg Glu Gly Ile	45
165 170 175	
Thr Val Pro Lys Glu Ile Leu Thr Glu Ile Ala Lys Arg Ser Ser Gly	50
180 185 190	
Asp Leu Arg Ala Ala Ile Asn Asp Leu Gln Thr Ile Val Ala Gly Gly	55
195 200 205	
Tyr Glu Asp Ala Lys Tyr Val Leu Ala Tyr Arg Asp Val Glu Lys Thr	60
210 215 220	
Val Phe Gln Ser Leu Gly Met Val Phe Ser Ser Asp Asn Ala Lys Arg	65
225 230 235 240	
Ala Lys Leu Ala Leu Met Asn Leu Asp Met Ser Pro Asp Glu Phe Leu	
245 250 255	
Leu Trp Val Asp Glu Asn Ile Pro His Met Tyr Leu Lys Pro Glu Glu	
260 265 270	

DE 198 40 771 A 1

Met Ala Arg Ala Tyr Glu Ala Ile Ser Arg Ala Asp Ile Tyr Leu Gly
 275 280 285

5 Arg Ala Gln Arg Thr Gly Asn Tyr Ser Leu Trp Lys Tyr Ala Ile Asp
 290 295 300

10 Met Met Thr Ala Gly Val Ala Val Ala Gly Thr Lys Lys Lys Gly Phe
 305 310 315 320

Ala Lys Phe Tyr Pro Pro Asn Thr Leu Lys Met Leu Ala Glu Ser Lys
 15 325 330 335

Glu Glu Arg Ser Ile Arg Asp Ser Ile Ile Lys Lys Ile Met Lys Glu
 340 345 350

20 Met His Met Ser Lys Leu Glu Ala Leu Glu Thr Met Lys Ile Leu Arg
 355 360 365

25 Thr Ile Phe Glu Asn Asn Leu Asp Leu Ala Ala His Phe Thr Val Phe
 370 375 380

30 Leu Glu Leu Thr Glu Lys Glu Val Glu Phe Leu Ala Gly Lys Glu Lys
 385 390 395 400

Ala Gly Thr Ile Trp Gly Lys Thr Leu Ser Ile Arg Arg Arg Ile Lys
 35 405 410 415

Glu Thr Glu Lys Ile Glu Glu Lys Ala Val Glu Glu Lys Val Glu Glu
 420 425 430

40 Glu Glu Ala Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Arg Lys Glu Glu Glu Lys
 435 440 445

45 Pro Lys Ala Glu Lys Lys Lys Gly Lys Gln Val Thr Leu Phe Asp Phe
 450 455 460

Ile Lys Lys Asn
 50 465

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 10:

- 55 (i) SEQUENZKENNZEICHEN:
 (A) LÄNGE: 479 Aminosäuren
 (B) ART: Aminosäure
 (C) STRANGFORM: Einzelstrang
 60 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

65

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: *Methanobacterium thermoautotrophicum*

5

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

10

Met Ser Trp Thr Glu Lys Tyr Arg Pro Gly Ser Phe Asp Glu Val Val
 1 5 10 15

Gly Asn Gln Lys Val Ile Ala Glu Ile Lys Glu Trp Ile Lys Ala Trp
 20 25 30

15

Lys Ala Gly Lys Pro Gln Lys Pro Leu Leu Leu Val Gly Pro Pro Gly
 35 40 45

20

Thr Gly Lys Thr Thr Leu Ala His Ile Ile Gly Lys Glu Phe Ser Asp
 50 55 60

25

Thr Leu Glu Leu Asn Ala Ser Asp Arg Arg Ser Gln Asp Ala Leu Met
 65 70 75 80

Arg Ser Ala Gly Glu Ala Ser Ala Thr Arg Ser Leu Phe Asn His Asp
 85 90 95

30

Leu Lys Leu Ile Ile Leu Asp Glu Val Asp Gly Ile His Gly Asn Glu
 100 105 110

35

Asp Arg Gly Gly Val Gln Ala Ile Asn Arg Ile Ile Lys Glu Ser Arg
 115 120 125

40

His Pro Met Val Leu Thr Ala Asn Asp Pro Tyr Ser Lys Arg Leu Gln
 130 135 140

45

Ser Ile Lys Pro Arg Cys Arg Val Leu Asn Leu Arg Lys Val His Thr
 145 150 155 160

Ser Ser Ile Ala Ala Ala Leu Arg Arg Ile Cys Arg Ala Glu Gly Ile
 165 170 175

50

Glu Cys Pro Asp Asp Val Leu Arg Glu Leu Ala Lys Arg Ser Arg Gly
 180 185 190

55

Asp Leu Arg Ser Ala Ile Asn Asp Leu Glu Ala Met Ala Glu Gly Glu
 195 200 205

60

Glu Arg Ile Gly Glu Glu Leu Leu Lys Met Gly Glu Lys Asp Ala Thr
 210 215 220

65

DE 198 40 771 A 1

Ser Asn Leu Phe Asp Ala Val Arg Ala Val Leu Lys Ser Arg Asp Val
 225 230 235 240
 5 Ser Lys Val Arg Glu Ala Met Arg Val Asp Asp Asp Pro Thr Leu Val
 245 250 255
 10 Leu Glu Phe Ile Ala Glu Asn Val Pro Arg Glu Tyr Glu Lys Pro Asn
 260 265 270
 Glu Ile Ser Arg Ala Tyr Asp Met Leu Ser Arg Ala Asp Ile Phe Phe
 15 275 280 285
 Gly Arg Ala Val Arg Thr Arg Asn Tyr Thr Tyr Trp Arg Tyr Ala Ser
 290 295 300
 20 Glu Leu Met Gly Pro Gly Val Ala Leu Ala Lys Asp Lys Thr Tyr Arg
 305 310 315 320
 25 Lys Phe Val Arg Tyr Thr Gly Ser Ser Ser Phe Arg Ile Leu Gly Lys
 325 330 335
 Thr Arg Lys Gln Arg Ser Leu Arg Asp Ser Val Ala Ala Lys Met Ala
 30 340 345 350
 Gly Lys Met His Ile Ser Pro Lys Val Ala Ile Ser Met Phe Pro Tyr
 35 355 360 365
 Met Glu Ile Leu Phe Glu Asn Asp Glu Met Ala Tyr Asp Ile Ser Glu
 370 375 380
 40 Phe Leu Glu Leu Arg Asp Glu Glu Ile Lys Leu Phe Arg Lys Arg Lys
 385 390 395 400
 45 Ile Lys Ala Pro Lys Arg Lys Lys Thr Pro Arg Lys Ala Glu Ile Lys
 405 410 415
 Val Gly Pro Leu Tyr Ser Gln Lys Lys Asp Lys Gly Ala Asp Lys Ser
 50 420 425 430
 Ile Asn Asp Lys Ala Thr Asp Lys Ser Ala Lys Thr Pro Ile Lys Ser
 435 440 445
 55 Ser Lys Lys Asp Asp Arg Pro Arg Asp Glu Ser Ser Ser Ser Ser Asp
 450 455 460
 60 Asp Lys Lys Pro Lys Glu Lys Gln Thr Ser Leu Phe Gln Phe Ser
 465 470 475
 65

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 261 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: Homo sapiens

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

Met Phe Glu Ala Arg Leu Val Gln Gly Ser Ile Leu Lys Lys Val Leu
 1 5 10 15

Glu Ala Leu Lys Asp Leu Ile Asn Glu Ala Cys Trp Asp Ile Ser Ser
 20 25 30

Ser Gly Val Asn Leu Gln Ser Met Asp Ser Ser His Val Ser Leu Val
 35 40 45

Gln Leu Thr Leu Arg Ser Glu Gly Phe Asp Thr Tyr Arg Cys Asp Arg
 50 55 60

Asn Leu Ala Met Gly Val Asn Leu Thr Ser Met Ser Lys Ile Leu Lys
 65 70 75 80

Cys Ala Gly Asn Glu Asp Ile Ile Thr Leu Arg Ala Glu Asp Asn Ala
 85 90 95

Asp Thr Leu Ala Leu Val Phe Glu Ala Pro Asn Gln Glu Lys Val Ser
 100 105 110

Asp Tyr Glu Met Lys Leu Met Asp Leu Asp Val Glu Gln Leu Gly Ile
 115 120 125

Pro Glu Gln Glu Tyr Ser Cys Val Val Lys Met Pro Ser Gly Glu Phe
 130 135 140

Ala Arg Ile Cys Arg Asp Leu Ser His Ile Gly Asp Ala Val Val Ile
 145 150 155 160

DE 198 40 771 A 1

Ser Cys Ala Lys Asp Gly Val Lys Phe Ser Ala Ser Gly Glu Leu Gly
165 170 175

5 Asn Gly Asn Ile Lys Leu Ser Gln Thr Ser Asn Val Asp Lys Glu Glu
180 185 190

10 Glu Ala Val Thr Ile Glu Met Asn Glu Pro Val Gln Leu Thr Phe Ala
195 200 205

15 Leu Arg Tyr Leu Asn Phe Phe Thr Lys Ala Thr Pro Leu Ser Ser Thr
210 215 220

20 Val Thr Leu Ser Met Ser Ala Asp Val Pro Leu Val Val Glu Tyr Lys
225 230 235 240

Ile Ala Asp Met Gly His Leu Lys Tyr Tyr Leu Ala Pro Lys Ile Glu
245 250 255

25 Asp Glu Glu Gly Ser
260

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 245 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: Archaeoglobus fulgidus

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

Met Ile Asp Val Ile Met Thr Gly Glu Leu Leu Lys Thr Val Thr Arg
1 5 10 15

Ala Ile Val Ala Leu Val Ser Glu Ala Arg Ile His Phe Leu Glu Lys
20 25 30

Gly Leu His Ser Arg Ala Val Asp Pro Ala Asn Val Ala Met Val Ile
35 40 45

DE 198 40 771 A 1

Val Asp Ile Pro Lys Asp Ser Phe Glu Val Tyr Asn Ile Asp Glu Glu
50 55 60

Lys Thr Ile Gly Val Asp Met Asp Arg Ile Phe Asp Ile Ser Lys Ser
65 70 75 80

Ile Ser Thr Lys Asp Leu Val Glu Leu Ile Val Glu Asp Glu Ser Thr
85 90 95

Leu Lys Val Lys Phe Gly Ser Val Glu Tyr Lys Val Ala Leu Ile Asp
100 105 110

Pro Ser Ala Ile Arg Lys Glu Pro Arg Ile Pro Glu Leu Glu Leu Pro
115 120 125

Ala Lys Ile Val Met Asp Ala Gly Glu Phe Lys Lys Ala Ile Ala Ala
130 135 140

Ala Asp Lys Ile Ser Asp Gln Val Ile Phe Arg Ser Asp Lys Glu Gly
145 150 155 160

Phe Arg Ile Glu Ala Lys Gly Asp Val Asp Ser Ile Val Phe His Met
165 170 175

Thr Glu Thr Glu Leu Ile Glu Phe Asn Gly Gly Glu Ala Arg Ser Met
180 185 190

Phe Ser Val Asp Tyr Leu Lys Glu Phe Cys Lys Val Ala Gly Ser Gly
195 200 205

Asp Leu Leu Thr Ile His Leu Gly Thr Asn Tyr Pro Val Arg Leu Val
210 215 220

Phe Glu Leu Val Gly Gly Arg Ala Lys Val Glu Tyr Ile Leu Ala Pro
225 230 235 240

Arg Ile Glu Ser Glu
245

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: *Methanococcus jannaschii*

5

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

10

Met Phe Arg Gly Val Met Glu Ser Ala Lys Glu Phe Lys Lys Val Val
 1 5 10 15

15

Asp Thr Ile Ser Thr Leu Leu Asp Glu Ile Cys Phe Glu Val Asp Glu
 20 25 30

20

Glu Gly Ile Lys Ala Ser Ala Met Asp Pro Ser His Val Ala Leu Val
 35 40 45

25

Ser Leu Glu Ile Pro Arg Leu Ala Phe Glu Glu Tyr Glu Ala Asp Ser
 50 55 60

His Asp Ile Gly Ile Asp Leu Glu Ala Phe Lys Lys Val Met Asn Arg
 65 70 75 80

30

Ala Lys Ala Lys Asp Arg Leu Ile Leu Glu Leu Asp Glu Glu Lys Asn
 85 90 95

35

Lys Leu Asn Val Ile Phe Glu Asn Thr Gly Lys Arg Lys Phe Ser Leu
 100 105 110

40

Ala Leu Leu Asp Ile Ser Ala Ser Ser Val Lys Val Pro Glu Ile Glu
 115 120 125

Tyr Pro Asn Val Ile Met Ile Lys Gly Asp Ala Phe Lys Glu Ala Leu
 130 135 140

45

Lys Asp Ala Asp Leu Phe Ser Asp Tyr Val Ile Leu Lys Ala Asp Glu
 145 150 155 160

50

Asp Lys Phe Val Ile His Ala Lys Gly Asp Leu Asn Glu Asn Glu Ala
 165 170 175

55

Ile Phe Glu Lys Asp Ser Ser Ala Ile Ile Ser Leu Glu Val Lys Glu
 180 185 190

Glu Ala Lys Ser Ala Phe Asn Leu Asp Tyr Leu Met Asp Met Val Lys
 195 200 205

60

Gly Val Ser Ser Gly Asp Ile Ile Lys Ile Tyr Leu Gly Asn Asp Met
 210 215 220

65

Pro Leu Lys Leu Glu Tyr Ser Ile Ala Gly Val Asn Leu Thr Phe Leu
225 230 235 240

Leu Ala Pro Arg Ile Glu Gly
245

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MÖLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: Pyrococcus horikoshii

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

Met Pro Phe Glu Ile Val Phe Glu Gly Ala Lys Glu Phe Ala Gln Leu
1 5 10 15

Ile Glu Thr Ala Ser Arg Leu Ile Asp Glu Ala Ala Phe Lys Val Thr
20 25 30

Glu Glu Gly Ile Ser Met Arg Ala Met Asp Pro Ser Arg Val Val Leu
35 40 45

Ile Asp Leu Asn Leu Pro Ser Ser Ile Phe Ser Lys Tyr Glu Val Asp
50 55 60

Gly Glu Glu Thr Ile Gly Val Asn Met Asp His Leu Lys Lys Val Leu
65 70 75 80

Lys Arg Gly Lys Ala Lys Asp Thr Leu Ile Leu Arg Lys Gly Glu Glu
85 90 95

Asn Phe Leu Glu Ile Ser Leu Gln Gly Thr Ala Thr Arg Thr Phe Arg
100 105 110

Leu Pro Leu Ile Asp Val Glu Glu Ile Glu Val Glu Leu Pro Asp Leu
115 120 125

DE 198 40 771 A 1

Pro Tyr Thr Ala Lys Val Val Val Leu Gly Glu Val Leu Lys Glu Ala
130 135 140

5 Val Lys Asp Ala Ser Leu Val Ser Asp Ser Ile Lys Phe Met Ala Lys
145 150 155 160

10 Glu Asn Glu Phe Ile Met Arg Ala Glu Gly Glu Thr Gln Glu Val Glu
165 170 175

15 Val Lys Leu Thr Leu Glu Asp Glu Gly Leu Leu Asp Ile Glu Val Gln
180 185 190

Glu Glu Thr Lys Ser Ala Tyr Gly Val Ser Tyr Leu Ala Asp Met Val
195 200 205

20 Lys Gly Ile Gly Lys Ala Asp Glu Val Thr Met Arg Phe Gly Asn Glu
210 215 220

25 Met Pro Met Gln Met Glu Tyr Tyr Ile Arg Asp Glu Gly Arg Leu Thr
225 230 235 240

30 Phe Leu Leu Ala Pro Arg Val Glu Glu
245

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 15:

35 (i) SEQUENZKENNZEICHEN:
(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
(B) ART: Aminosäure
40 (C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

45 (vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: Methanobacterium thermoautotrophicum

50 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

55 Met Phe Lys Ala Glu Leu Asn Asp Pro Asn Ile Leu Arg Thr Ser Phe
1 5 10 15

60 Asp Ala Ile Ser Ser Ile Val Asp Glu Val Gln Ile Gln Leu Ser Ala
20 25 30

65

DE 198 40 771 A 1

Glu Gly Leu Arg Leu Asp Ala Leu Asp Arg Ser His Ile Thr Tyr Val
 35 40 45
 His Leu Glu Leu Lys Ala Glu Leu Phe Asp Glu Tyr Val Cys Asp Glu
 50 55 60
 Pro Glu Arg Ile Asn Val Asp Thr Glu Glu Leu Met Lys Val Leu Lys
 65 70 75 80
 Arg Ala Lys Ala Asn Asp Arg Val Ile Leu Ser Thr Asp Glu Gly Asn
 85 90 95
 Leu Ile Ile Gln Phe Glu Gly Glu Ala Val Arg Thr Phe Lys Ile Arg
 100 105 110
 Leu Ile Asp Ile Glu Tyr Glu Thr Pro Ser Pro Pro Glu Ile Glu Tyr
 115 120 125
 Glu Asn Glu Phe Glu Val Pro Phe Gln Leu Leu Lys Asp Ser Ile Ala
 130 135 140
 Asp Ile Asp Ile Phe Ser Asp Lys Ile Thr Phe Arg Val Asp Glu Asp
 145 150 155 160
 Arg Phe Ile Ala Ser Ala Glu Gly Glu Phe Gly Asp Ala Gln Ile Glu
 165 170 175
 Tyr Leu His Gly Glu Arg Ile Asp Lys Pro Ala Arg Ser Ile Tyr Ser
 180 185 190
 Leu Asp Lys Ile Lys Glu Met Leu Lys Ala Asp Lys Phe Ser Glu Thr
 195 200 205
 Ala Ile Ile Asn Leu Gly Asp Asp Met Pro Leu Lys Leu Thr Leu Lys
 210 215 220
 Met Ala Ser Lys Glu Gly Glu Leu Ser Phe Leu Leu Ala Pro Arg Ile
 225 230 235 240
 Glu Ala Glu Glu

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 469 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: Homo sapiens

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

Met Phe Ser Glu Gln Ala Ala Gln Arg Ala His Thr Leu Leu Ser Pro
 1 5 10 15

Pro Ser Ala Asn Asn Ala Thr Phe Ala Arg Val Pro Val Ala Thr Tyr
 20 25 30

Thr Asn Ser Ser Gln Pro Phe Arg Leu Gly Glu Arg Ser Phe Ser Arg
 35 40 45

Gln Tyr Ala His Ile Tyr Ala Thr Arg Leu Ile Gln Met Arg Pro Phe
 50 55 60

Leu Glu Asn Arg Ala Gln Gln His Trp Gly Ser Gly Val Gly Val Lys
 65 70 75 80

Lys Leu Cys Glu Leu Gln Pro Glu Glu Lys Cys Cys Val Val Gly Thr
 85 90 95

Leu Phe Lys Ala Met Pro Leu Gln Pro Ser Ile Leu Arg Glu Val Ser
 100 105 110

Glu Glu His Asn Leu Leu Pro Gln Pro Pro Arg Ser Lys Tyr Ile His
 115 120 125

Pro Asp Asp Glu Leu Val Leu Glu Asp Glu Leu Gln Arg Ile Lys Leu
 130 135 140

Lys Gly Thr Ile Asp Val Ser Lys Leu Val Thr Gly Thr Val Leu Ala
 145 150 155 160

Val Phe Gly Ser Val Arg Asp Asp Gly Lys Phe Leu Val Glu Asp Tyr
 165 170 175

Cys Phe Ala Asp Leu Ala Pro Gln Lys Pro Ala Pro Pro Leu Asp Thr
 180 185 190

DE 198 40 771 A 1

Asp Arg Phe Val Leu Leu Val Ser Gly Leu Gly Leu Gly Gly Gly Gly
195 200 205

Gly Glu Ser Leu Leu Gly Thr Gln Leu Leu Val Asp Val Val Thr Gly
210 215 220

Gln Leu Gly Asp Glu Gly Glu Gln Cys Ser Ala Ala His Val Ser Arg
225 230 235 240

Val Ile Leu Ala Gly Asn Leu Leu Ser His Ser Thr Gln Ser Arg Asp
245 250 255

Ser Ile Asn Lys Ala Lys Tyr Leu Thr Lys Lys Thr Gln Ala Ala Ser
260 265 270

Val Glu Ala Val Lys Met Leu Asp Glu Ile Leu Leu Gln Leu Ser Ala
275 280 285

Ser Val Pro Val Asp Val Met Pro Gly Glu Phe Asp Pro Thr Asn Tyr
290 295 300

Thr Leu Pro Gln Gln Pro Leu His Pro Cys Met Phe Pro Leu Ala Thr
305 310 315 320

Ala Tyr Ser Thr Leu Gln Leu Val Thr Asn Pro Tyr Gln Ala Thr Ile
325 330 335

Asp Gly Val Arg Phe Leu Gly Thr Ser Gly Gln Asn Val Ser Asp Ile
340 345 350

Phe Arg Tyr Ser Ser Met Glu Asp His Leu Glu Ile Leu Glu Trp Thr
355 360 365

Leu Arg Val Arg His Ile Ser Pro Thr Ala Pro Asp Thr Leu Gly Cys
370 375 380

Tyr Pro Phe Tyr Lys Thr Asp Pro Phe Ile Phe Pro Glu Cys Pro His
385 390 395 400

Val Tyr Phe Cys Gly Asn Thr Pro Ser Phe Gly Ser Lys Ile Ile Arg
405 410 415

Gly Pro Glu Asp Gln Thr Val Leu Leu Val Thr Val Pro Asp Phe Ser
420 425 430

Ala Thr Gln Thr Ala Cys Leu Val Asn Leu Arg Ser Leu Ala Cys Gln
435 440 445

Pro Ile Ser Phe Ser Gly Phe Gly Ala Glu Asp Asp Asp Leu Gly Gly
450 455 460

5 Leu Gly Leu Gly Pro
465

10 (2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

15 (A) LÄNGE: 488 Aminosäuren
(B) ART: Aminosäure
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: Archaeoglobus fulgidus

30 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

Met Val Ile Lys Asn Ile Asp Ala Ala Thr Val Ala Lys Lys Phe Leu
1 5 10 15

35 Val Arg Gly Tyr Asn Ile Asp Pro Lys Ala Ala Glu Leu Ile Cys Lys
20 25 30

40 Ser Gly Leu Phe Ser Asp Glu Leu Val Asp Lys Ile Cys Arg Ile Ala
35 40 45

45 Asn Gly Gly Phe Ile Ile Glu Lys Ser Val Val Glu Glu Phe Leu Arg
50 55 60

50 Asn Leu Ser Asn Leu Lys Pro Ala Thr Leu Thr Pro Arg Pro Glu Glu
65 70 75 80

Arg Lys Val Glu Glu Val Lys Ala Ser Cys Ile Ala Leu Lys Val Ile
85 90 95

55 Lys Asp Ile Thr Gly Lys Ser Ser Cys Gln Gly Asn Val Glu Asp Phe
100 105 110

60 Leu Met Tyr Phe Asn Ser Arg Leu Glu Lys Leu Ser Arg Ile Ile Arg
115 120 125

65

DE 198 40 771 A 1

Ser Arg Val Asn Thr Thr Pro Ile Ala His Ala Gly Lys Val Arg Gly	
130 135 140	
Asn Val Ser Val Val Gly Met Val Asn Glu Val Tyr Glu Arg Gly Asp	5
145 150 155 160	
Lys Cys Tyr Ile Arg Leu Glu Asp Thr Thr Gly Thr Ile Thr Cys Val	10
165 170 175	
Ala Thr Gly Lys Asn Ala Glu Val Ala Arg Glu Leu Leu Gly Asp Glu	15
180 185 190	
Val Ile Gly Val Thr Gly Leu Leu Lys Gly Ser Ser Leu Tyr Ala Asn	20
195 200 205	
Arg Ile Val Phe Pro Asp Val Pro Ile Asn Gly Asn Gly Glu Lys Lys	25
210 215 220	
Arg Asp Phe Tyr Ile Val Phe Leu Ser Asp Thr His Phe Gly Ser Lys	30
225 230 235 240	
Glu Phe Leu Glu Lys Glu Trp Glu Met Phe Val Arg Trp Leu Lys Gly	35
245 250 255	
Glu Val Gly Gly Lys Lys Ser Gln Asn Leu Ala Glu Lys Val Lys Tyr	40
260 265 270	
Ile Val Ile Ala Gly Asp Ile Val Asp Gly Ile Gly Val Tyr Pro Gly	45
275 280 285	
Gln Glu Asp Asp Leu Ala Ile Ser Asp Ile Tyr Gly Gln Tyr Glu Phe	50
290 295 300	
Ala Ala Ser His Leu Asp Glu Ile Pro Lys Glu Ile Lys Ile Ile Val	55
305 310 315 320	
Ser Pro Gly Asn His Asp Ala Val Arg Gln Ala Glu Pro Gln Pro Ala	60
325 330 335	
Phe Glu Gly Glu Ile Arg Ser Leu Phe Pro Lys Asn Val Glu His Val	65
340 345 350	
Gly Asn Pro Ala Tyr Val Asp Ile Glu Gly Val Lys Val Leu Ile Tyr	
355 360 365	
His Gly Arg Ser Ile Asp Asp Ile Ile Ser Lys Ile Pro Arg Leu Ser	
370 375 380	

DE 198 40 771 A 1

Tyr Asp Glu Pro Gln Lys Val Met Glu Glu Leu Leu Lys Arg Arg His
385 390 395 400

5 Leu Ser Pro Ile Tyr Gly Gly Arg Thr Pro Leu Ala Pro Glu Arg Glu
405 410 415

10 Asp Tyr Leu Val Ile Glu Asp Val Pro Asp Ile Leu His Cys Gly His
420 425 430

15 Ile His Thr Tyr Gly Thr Gly Phe Tyr Arg Gly Val Phe Met Val Asn
435 440 445

Ser Ser Thr Trp Gln Ala Gln Thr Glu Phe Gln Lys Lys Val Asn Leu
450 455 460

20 Asn Pro Met Pro Gly Asn Val Ala Val Tyr Arg Pro Gly Gly Glu Val
465 470 475 480

25 Ile Arg Leu Arg Phe Tyr Gly Glu
485

30 (2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- 35 (A) LÄNGE: 594 Aminosäuren
(B) ART: Aminosäure
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: Methanococcus jannaschii

50 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

Met Glu Ile Ile Asn Lys Phe Leu Asp Leu Glu Ala Leu Leu Ser Pro
1 5 10 15

55 Thr Val Tyr Glu Lys Leu Lys Asn Phe Asp Glu Glu Lys Leu Lys Arg
20 25 30

60 Leu Ile Gln Lys Ile Arg Glu Phe Lys Lys Tyr Asn Asn Ala Phe Ile
35 40 45

65

DE 198 40 771 A 1

Leu Leu Asp Glu Lys Phe Leu Asp Ile Phe Leu Gln Lys Asp Leu Asp
50 55 60

Glu Ile Ile Asn Glu Tyr Lys Asp Phe Asp Phe Ile Phe Tyr Tyr Thr
65 70 75 80

Gly Glu Glu Glu Lys Glu Lys Pro Lys Glu Val Lys Lys Glu Ile Lys
85 90 95

Lys Glu Thr Glu Glu Lys Ile Glu Lys Glu Lys Ile Glu Phe Val Lys
100 105 110

Lys Glu Glu Lys Glu Gln Phe Ile Lys Lys Ser Asp Glu Asp Val Glu
115 120 125

Glu Lys Leu Lys Gln Leu Ile Ser Lys Glu Glu Lys Lys Glu Asp Phe
130 135 140

Asp Ala Glu Arg Ala Lys Arg Tyr Glu His Ile Thr Lys Ile Lys Glu
145 150 155 160

Ser Val Asn Ser Arg Ile Lys Trp Ile Ala Lys Asp Ile Asp Ala Val
165 170 175

Ile Glu Ile Tyr Glu Asp Ser Asp Val Ser Gly Lys Ser Thr Cys Thr
180 185 190

Gly Thr Ile Glu Asp Phe Val Lys Tyr Phe Arg Asp Arg Phe Glu Arg
195 200 205

Leu Lys Val Phe Ile Glu Arg Lys Ala Gln Arg Lys Gly Tyr Pro Leu
210 215 220

Lys Asp Ile Lys Lys Met Lys Gly Gln Lys Asp Ile Phe Val Val Gly
225 230 235 240

Ile Val Ser Asp Val Asp Ser Thr Arg Asn Gly Asn Leu Ile Val Arg
245 250 255

Ile Glu Asp Thr Glu Asp Glu Ala Thr Leu Ile Leu Pro Lys Glu Lys
260 265 270

Ile Glu Ala Gly Lys Ile Pro Asp Asp Ile Leu Leu Asp Glu Val Ile
275 280 285

Gly Ala Ile Gly Thr Val Ser Lys Ser Gly Ser Ser Ile Tyr Val Asp
290 295 300

DE 198 40 771 A 1

Glu Ile Ile Arg Pro Ala Leu Pro Pro Lys Glu Pro Lys Arg Ile Asp
 305 310 315 320
 5 Glu Glu Ile Tyr Met Ala Phe Leu Ser Asp Ile His Val Gly Ser Lys
 325 330 335
 10 Glu Phe Leu His Lys Glu Phe Glu Lys Phe Ile Arg Phe Leu Asn Gly
 340 345 350
 Asp Val Asp Asn Glu Leu Glu Glu Lys Val Val Ser Arg Leu Lys Tyr
 15 355 360 365
 Ile Cys Ile Ala Gly Asp Leu Val Asp Gly Val Gly Val Tyr Pro Gly
 370 375 380
 20 Gln Glu Glu Asp Leu Tyr Glu Val Asp Ile Ile Glu Gln Tyr Arg Glu
 385 390 395 400
 25 Ile Ala Met Tyr Leu Asp Gln Ile Pro Glu His Ile Ser Ile Ile Ile
 405 410 415
 30 Ser Pro Gly Asn His Asp Ala Val Arg Pro Ala Glu Pro Gln Pro Lys
 420 425 430
 Leu Pro Glu Lys Ile Thr Lys Leu Phe Asn Arg Asp Asn Ile Tyr Phe
 35 435 440 445
 Val Gly Asn Pro Cys Thr Leu Asn Ile His Gly Phe Asp Thr Leu Leu
 450 455 460
 40 Tyr His Gly Arg Ser Phe Asp Asp Leu Val Gly Gln Ile Arg Ala Ala
 465 470 475 480
 45 Ser Tyr Glu Asn Pro Val Thr Ile Met Lys Glu Leu Ile Lys Arg Arg
 485 490 495
 Leu Leu Cys Pro Thr Tyr Gly Gly Arg Cys Pro Ile Ala Pro Glu His
 50 500 505 510
 Lys Asp Tyr Leu Val Ile Asp Arg Asp Ile Asp Ile Leu His Thr Gly
 55 515 520 525
 His Ile His Ile Asn Gly Tyr Gly Ile Tyr Arg Gly Val Val Met Val
 530 535 540
 60 Asn Ser Gly Thr Phe Gln Glu Gln Thr Asp Phe Gln Lys Arg Met Gly
 545 550 555 560
 65

DE 198 40 771 A 1

Ile Ser Pro Thr Pro Ala Ile Val Pro Ile Ile Asn Met Ala Lys Val
565 570 575

Gly Glu Lys Gly His Tyr Leu Glu Trp Asp Arg Gly Val Leu Glu Val
580 585 590

Arg Tyr

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 622 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: Pyrococcus horikoshii

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

Met Asp Glu Phe Val Lys Gly Leu Met Lys Asn Gly Tyr Leu Ile Thr
1 5 10 15

Pro Ser Ala Tyr Tyr Leu Leu Val Gly His Phe Asn Glu Gly Lys Phe
20 25 30

Ser Leu Ile Glu Leu Ile Lys Phe Ala Lys Ser Arg Glu Thr Phe Ile
35 40 45

Ile Asp Asp Glu Ile Ala Asn Glu Phe Leu Lys Ser Ile Gly Ala Glu
50 55 60

Val Glu Leu Pro Gln Glu Ile Lys Glu Gly Tyr Ile Ser Thr Gly Glu
65 70 75 80

Gly Ser Gln Lys Val Pro Asp His Glu Glu Leu Glu Lys Ile Thr Asn
85 90 95

Glu Ser Ser Val Glu Ser Ser Ile Ser Thr Gly Glu Thr Pro Lys Thr
100 105 110

DE 198 40 771 A 1

Glu Glu Leu Gln Pro Thr Leu Asp Ile Leu Glu Glu Glu Ile Gly Asp
 115 120 125

5 Ile Glu Gly Gly Glu Ser Ser Ile Ser Thr Gly Asp Glu Val Pro Glu
 130 135 140

10 Val Glu Asn Asn Asn Gly Gly Thr Val Val Val Phe Asp Lys Tyr Gly
 145 150 155 160

15 Tyr Pro Phe Thr Tyr Val Pro Glu Glu Ile Glu Glu Glu Leu Glu Glu
 165 170 175

Tyr Pro Lys Tyr Glu Asp Val Thr Ile Glu Ile Asn Pro Asn Leu Glu
 180 185 190

20 Val Val Pro Ile Glu Lys Asp Tyr Glu Ile Lys Phe Asp Val Arg Arg
 195 200 205

25 Val Lys Leu Lys Pro Pro Lys Val Lys Ser Gly Ser Gly Lys Glu Gly
 210 215 220

30 Glu Ile Ile Val Glu Ala Tyr Ala Ser Leu Phe Arg Ser Arg Leu Arg
 225 230 235 240

Lys Leu Arg Arg Ile Leu Arg Glu Asn Pro Glu Val Ser Asn Val Ile
 245 250 255

35 Asp Ile Lys Lys Leu Lys Tyr Val Lys Gly Asp Glu Glu Val Thr Ile
 260 265 270

40 Ile Gly Leu Val Asn Ser Lys Lys Glu Thr Ser Lys Gly Leu Ile Phe
 275 280 285

45 Glu Val Glu Asp Gln Thr Asp Arg Val Lys Val Phe Leu Pro Lys Asp
 290 295 300

50 Ser Glu Asp Tyr Arg Glu Ala Leu Lys Val Leu Pro Asp Ala Val Val
 305 310 315 320

Ala Phe Lys Gly Val Tyr Ser Lys Arg Gly Ile Phe Phe Ala Asn Arg
 325 330 335

55 Phe Tyr Leu Pro Asp Val Pro Leu Tyr Arg Lys Gln Lys Pro Pro Leu
 340 345 350

60 Glu Glu Lys Val Tyr Ala Val Leu Thr Ser Asp Ile His Val Gly Ser
 355 360 365

65

DE 198 40 771 A 1

Lys Glu Phe Cys Glu Lys Ala Phe Ile Lys Phe Leu Glu Trp Leu Asn
370 375 380

Gly Tyr Val Glu Ser Lys Glu Glu Glu Ile Val Ser Arg Ile Arg
385 390 395 400

Tyr Leu Ile Ile Ala Gly Asp Val Val Asp Gly Ile Gly Ile Tyr Pro
405 410 415

Gly Gln Tyr Ser Asp Leu Ile Ile Pro Asp Ile Phe Asp Gln Tyr Glu
420 425 430

Ala Leu Ala Asn Leu Leu Ser Asn Val Pro Lys His Ile Thr Ile Phe
435 440 445

Ile Gly Pro Gly Asn His Asp Ala Ala Arg Pro Ala Ile Pro Gln Pro
450 455 460

Glu Phe Tyr Glu Glu Tyr Ala Lys Pro Leu Tyr Lys Leu Lys Asn Thr
465 470 475 480

Val Ile Ile Ser Asn Pro Ala Val Ile Arg Leu His Gly Arg Asp Phe
485 490 495

Leu Ile Ala His Gly Arg Gly Ile Glu Asp Val Val Ser Phe Val Pro
500 505 510

Gly Leu Thr His His Lys Pro Gly Leu Pro Met Val Glu Leu Leu Lys
515 520 525

Met Arg His Leu Ala Pro Thr Phe Gly Gly Lys Val Pro Ile Ala Pro
530 535 540

Asp Pro Glu Asp Leu Leu Val Ile Glu Glu Val Pro Asp Leu Val Gln
545 550 555 560

Met Gly His Val His Val Tyr Asp Thr Ala Val Tyr Arg Gly Val Gln
565 570 575

Leu Val Asn Ser Ala Thr Trp Gln Ala Gln Thr Glu Phe Gln Lys Met
580 585 590

Val Asn Ile Val Pro Thr Pro Gly Leu Val Pro Ile Val Asp Val Glu
595 600 605

Ser Ala Arg Val Ile Lys Val Leu Asp Phe Ser Arg Trp Cys
610 615 620

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 482 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: Methanobacterium thermoautotrophicum

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

Met Asn Glu Ile Ile Gly Lys Phe Ala Arg Glu Gly Ile Leu Ile Glu
1 5 10 15

Asp Asn Ala Tyr Phe Arg Leu Arg Glu Met Asp Asp Pro Ala Ser Val
20 25 30

Ser Ser Glu Leu Ile Val Lys Ile Lys Ser Asn Gly Gly Lys Phe Thr
35 40 45

Val Leu Thr Ser Glu Met Leu Asp Glu Phe Phe Glu Ile Asp Asn Pro
50 55 60

Ala Glu Ile Lys Ala Arg Gly Pro Leu Met Val Pro Ala Glu Arg Asp
65 70 75 80

Phe Asp Phe Glu Val Ile Ser Asp Thr Ser Asn Arg Ser Tyr Thr Ser
85 90 95

Gly Glu Ile Gly Asp Met Ile Ala Tyr Phe Asn Ser Arg Tyr Ser Ser
100 105 110

Leu Lys Asn Leu Leu Ser Lys Arg Pro Glu Leu Lys Gly His Ile Pro
115 120 125

Ile Ala Asp Leu Arg Gly Gly Glu Asp Val Val Ser Ile Ile Gly Met
130 135 140

Val Asn Asp Val Arg Asn Thr Lys Asn Asn His Arg Ile Ile Glu Leu
145 150 155 160

DE 198 40 771 A 1

Glu Asp Asp Thr Gly Glu Ile Ser Val Val Val His Asn Glu Asn His	
165 170 175	
Lys Leu Phe Glu Lys Ser Glu Lys Ile Val Arg Asp Glu Val Val Gly	5
180 185 190	
Val His Gly Thr Lys Lys Gly Arg Phe Val Val Ala Ser Glu Ile Phe	10
195 200 205	
His Pro Gly Val Pro Arg Ile Gln Glu Lys Glu Met Asp Phe Ser Val	15
210 215 220	
Ala Phe Ile Ser Asp Val His Ile Gly Ser Gln Thr Phe Leu Glu Asp	20
225 230 235 240	
Ala Phe Met Lys Phe Val Lys Trp Ile Asn Gly Asp Phe Gly Ser Glu	25
245 250 255	
Glu Gln Arg Ser Leu Ala Ala Asp Val Lys Tyr Leu Val Val Ala Gly	30
260 265 270	
Asp Ile Val Asp Gly Ile Gly Ile Tyr Pro Gly Gln Glu Lys Glu Leu	35
275 280 285	
Leu Ile Arg Asp Ile His Glu Gln Tyr Glu Glu Ala Ala Arg Leu Phe	40
290 295 300	
Gly Asp Ile Arg Ser Asp Ile Lys Ile Val Met Ile Pro Gly Asn His	45
305 310 315 320	
Asp Ser Ser Arg Ile Ala Glu Pro Gln Pro Ala Ile Pro Glu Glu Tyr	50
325 330 335	
Ala Lys Ser Leu Tyr Ser Ile Arg Asn Ile Glu Phe Leu Ser Asn Pro	55
340 345 350	
Ser Leu Val Ser Leu Asp Gly Val Arg Thr Leu Ile Tyr His Gly Arg	60
355 360 365	
Ser Phe Asp Asp Met Ala Met Ser Val Asn Gly Leu Ser His Glu Arg	65
370 375 380	
Ser Asp Leu Ile Met Glu Glu Leu Leu Glu Lys Arg His Leu Ala Pro	
385 390 395 400	
Ile Tyr Gly Glu Arg Thr Pro Leu Ala Ser Glu Ile Glu Asp His Leu	
405 410 415	

DE 198 40 771 A 1

Val Ile Asp Glu Val Pro His Val Leu His Thr Gly His Val His Ile
420 425 430

5 Asn Ala Tyr Lys Lys Tyr Lys Gly Val His Leu Ile Asn Ser Gly Thr
435 440 445

10 Phe Gln Ser Gln Thr Glu Phe Gln Lys Ile Tyr Asn Ile Val Pro Thr
450 455 460

15 Cys Gly Gln Val Pro Val Leu Asn Arg Gly Val Met Lys Leu Leu Glu
465 470 475 480

Phe Ser

20

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- 25 (A) LÄNGE: 613 Aminosäuren
(B) ART: Aminosäure
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

35 (vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: Pyrococcus furiosus

40

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

45 Met Asp Glu Phe Val Lys Ser Leu Leu Lys Ala Asn Tyr Leu Ile Thr
1 5 10 15

50 Pro Ser Ala Tyr Tyr Leu Leu Arg Glu Tyr Tyr Glu Lys Gly Glu Phe
20 25 30

Ser Ile Val Glu Leu Val Lys Phe Ala Arg Ser Arg Glu Ser Tyr Ile
35 40 45

55 Ile Thr Asp Ala Leu Ala Thr Glu Phe Leu Lys Val Lys Gly Leu Glu
50 55 60

60 Pro Ile Leu Pro Val Glu Thr Lys Gly Gly Phe Val Ser Thr Gly Glu
65 70 75 80

65

DE 198 40 771 A 1

Ser Gln Lys Glu Gln Ser Tyr Glu Glu Ser Phe Gly Thr Lys Glu Glu	
85 90 95	
Ile Ser Gln Glu Ile Lys Glu Gly Glu Ser Phe Ile Ser Thr Gly Ser	5
100 105 110	
Glu Pro Leu Glu Glu Glu Leu Asn Ser Ile Gly Ile Glu Glu Ile Gly	10
115 120 125	
Ala Asn Glu Glu Leu Val Ser Asn Gly Asn Asp Asn Gly Gly Glu Ala	15
130 135 140	
Ile Val Phe Asp Lys Tyr Gly Tyr Pro Met Val Tyr Ala Pro Glu Glu	20
145 150 155 160	
Ile Glu Val Glu Glu Lys Glu Tyr Ser Lys Tyr Glu Asp Leu Thr Ile	25
165 170 175	
Pro Met Asn Pro Asp Phe Asn Tyr Val Glu Ile Lys Glu Asp Tyr Asp	30
180 185 190	
Val Val Phe Asp Val Arg Asn Val Lys Leu Lys Pro Pro Lys Val Lys	35
195 200 205	
Asn Gly Asn Gly Lys Glu Gly Glu Ile Ile Val Glu Ala Tyr Ala Ser	40
210 215 220	
Leu Phe Arg Ser Arg Leu Lys Lys Leu Arg Lys Ile Leu Arg Glu Asn	45
225 230 235 240	
Pro Glu Leu Asp Asn Val Val Asp Ile Gly Lys Leu Lys Tyr Val Lys	50
245 250 255	
Glu Asp Glu Thr Val Thr Ile Ile Gly Leu Val Asn Ser Lys Arg Glu	55
260 265 270	
Val Asn Lys Gly Leu Ile Phe Glu Ile Glu Asp Leu Thr Gly Lys Val	60
275 280 285	
Lys Val Phe Leu Pro Lys Asp Ser Glu Asp Tyr Arg Glu Ala Phe Lys	65
290 295 300	
Val Leu Pro Asp Ala Val Val Ala Phe Lys Gly Val Tyr Ser Lys Arg	
305 310 315 320	
Gly Ile Leu Tyr Ala Asn Lys Phe Tyr Leu Pro Asp Val Pro Leu Tyr	
325 330 335	

DE 198 40 771 A 1

Arg Arg Gln Lys Pro Pro Leu Glu Glu Lys Val Tyr Ala Ile Leu Ile
 340 345 350
 5 Ser Asp Ile His Val Gly Ser Lys Glu Phe Cys Glu Asn Ala Phe Ile
 355 360 365
 10 Lys Phe Leu Glu Trp Leu Asn Gly Asn Val Glu Thr Lys Glu Glu Glu
 370 375 380
 Glu Ile Val Ser Arg Val Lys Tyr Leu Ile Ile Ala Gly Asp Val Val
 15 385 390 395 400
 Asp Gly Val Gly Val Tyr Pro Gly Gln Tyr Ala Asp Leu Thr Ile Pro
 405 410 415
 20 Asp Ile Phe Asp Gln Tyr Glu Ala Leu Ala Asn Leu Leu Ser His Val
 420 425 430
 25 Pro Lys His Ile Thr Met Phe Ile Ala Pro Gly Asn His Asp Ala Ala
 435 440 445
 30 Arg Gln Ala Ile Pro Gln Pro Glu Phe Tyr Lys Glu Tyr Ala Lys Pro
 450 455 460
 Ile Tyr Lys Leu Lys Asn Ala Val Ile Ile Ser Asn Pro Ala Val Ile
 35 465 470 475 480
 Arg Leu His Gly Arg Asp Phe Leu Ile Ala His Gly Arg Gly Ile Glu
 485 490 495
 40 Asp Val Val Gly Ser Val Pro Gly Leu Thr His His Lys Pro Gly Leu
 500 505 510
 45 Pro Met Val Glu Leu Leu Lys Met Arg His Val Ala Pro Met Phe Gly
 515 520 525
 Gly Lys Val Pro Ile Ala Pro Asp Pro Glu Asp Leu Leu Val Ile Glu
 50 530 535 540
 Glu Val Pro Asp Val Val His Met Gly His Val His Val Tyr Asp Ala
 55 545 550 555 560
 Val Val Tyr Arg Gly Val Gln Leu Val Asn Ser Ala Thr Trp Gln Ala
 565 570 575
 60 Gln Thr Glu Phe Gln Lys Met Val Asn Ile Val Pro Thr Pro Ala Lys
 580 585 590
 65

DE 198 40 771 A 1

Val Pro Val Val Asp Ile Asp Thr Ala Lys Val Val Lys Val Leu Asp
595 600 605

Phe Ser Gly Trp Cys
610

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 1107 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: Homo sapiens

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

Met Asp Gly Lys Arg Arg Pro Gly Pro Gly Pro Gly Val Pro Pro Lys
1 5 10 15

Arg Ala Arg Gly Gly Leu Trp Asp Asp Asp Ala Pro Trp Pro Ser
20 25 30

Gln Phe Glu Glu Asp Leu Ala Leu Met Glu Glu Met Glu Ala Glu His
35 40 45

Arg Leu Gln Glu Gln Glu Glu Glu Leu Gln Ser Val Leu Glu Gly
50 55 60

Val Ala Asp Gly Gln Val Pro Pro Ser Ala Ile Asp Pro Arg Trp Leu
65 70 75 80

Arg Pro Thr Pro Pro Ala Leu Asp Pro Gln Thr Glu Pro Leu Ile Phe
85 90 95

Gln Gln Leu Glu Ile Asp His Tyr Val Gly Pro Ala Gln Pro Val Pro
100 105 110

Gly Gly Pro Pro Pro Ser Arg Gly Ser Val Pro Val Leu Arg Ala Phe
115 120 125

DE 198 40 771 A 1

Gly Val Thr Asp Glu Gly Phe Ser Val Cys Cys His Ile His Gly Phe
 130 135 140

5 Ala Pro Tyr Phe Tyr Thr Pro Ala Pro Pro Gly Phe Gly Pro Glu His
 145 150 155 160

10 Met Gly Asp Leu Gln Arg Glu Leu Asn Leu Ala Ile Ser Arg Asp Ser
 165 170 175

15 Arg Gly Gly Arg Glu Leu Thr Gly Pro Ala Val Leu Ala Val Glu Leu
 180 185 190

Cys Ser Arg Glu Ser Met Phe Gly Tyr His Gly His Gly Pro Ser Pro
 195 200 205

20 Phe Leu Arg Ile Thr Val Ala Leu Pro Arg Leu Val Ala Pro Ala Arg
 210 215 220

25 Arg Leu Leu Glu Gln Gly Ile Arg Val Ala Gly Leu Gly Thr Pro Ser
 225 230 235 240

30 Phe Ala Pro Tyr Glu Ala Asn Val Asp Phe Glu Ile Arg Phe Met Val
 245 250 255

35 Asp Thr Asp Ile Val Gly Cys Asn Trp Leu Glu Leu Pro Ala Gly Lys
 260 265 270

Tyr Ala Leu Arg Leu Lys Glu Lys Ala Thr Gln Cys Gln Leu Glu Ala
 275 280 285

40 Asp Val Leu Trp Ser Asp Val Val Ser His Pro Pro Glu Gly Pro Trp
 290 295 300

45 Gln Arg Ile Ala Pro Leu Arg Val Leu Ser Phe Asp Ile Glu Cys Ala
 305 310 315 320

50 Gly Arg Lys Gly Ile Phe Pro Glu Pro Glu Arg Asp Pro Val Ile Gln
 325 330 335

55 Ile Cys Ser Leu Gly Leu Arg Trp Gly Glu Pro Glu Pro Phe Leu Arg
 340 345 350

Leu Ala Leu Thr Leu Arg Pro Cys Ala Pro Ile Leu Gly Ala Lys Val
 355 360 365

60 Gln Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp Leu Leu Gln Ala Trp Ser Thr Phe
 370 375 380

65

DE 198 40 771 A 1

Ile Arg Ile Met Asp Pro Asp Val Ile Thr Gly Tyr Asn Ile Gln Asn	
385 390 395 400	
Phe Asp Leu Pro Tyr Leu Ile Ser Arg Ala Gln Thr Leu Lys Val Gln	5
405 410 415	
Thr Phe Pro Phe Leu Gly Arg Val Ala Gly Leu Cys Ser Asn Ile Arg	10
420 425 430	
Asp Ser Ser Phe Gln Ser Lys Gln Thr Gly Arg Arg Asp Thr Lys Val	15
435 440 445	
Val Ser Met Val Gly Arg Val Gln Met Asp Met Leu Gln Val Leu Leu	20
450 455 460	
Arg Glu Tyr Lys Leu Arg Ser His Thr Leu Asn Ala Val Ser Phe His	
465 470 475 480	
Phe Leu Gly Glu Gln Lys Glu Asp Val Gln His Ser Ile Ile Thr Asp	25
485 490 495	
Leu Gln Asn Gly Asn Asp Gln Thr Arg Arg Arg Leu Ala Val Tyr Cys	30
500 505 510	
Leu Lys Asp Ala Tyr Leu Pro Leu Arg Leu Leu Glu Arg Leu Met Val	35
515 520 525	
Leu Val Asn Ala Val Glu Met Ala Arg Val Thr Gly Val Pro Leu Ser	40
530 535 540	
Tyr Leu Leu Ser Arg Gly Gln Gln Val Lys Val Val Ser Gln Leu Leu	
545 550 555 560	
Arg Gln Ala Met His Glu Gly Leu Leu Met Pro Val Val Lys Ser Glu	45
565 570 575	
Gly Gly Glu Asp Tyr Thr Gly Ala Thr Val Ile Glu Pro Leu Lys Gly	50
580 585 590	
Tyr Tyr Asp Val Pro Ile Ala Thr Leu Asp Phe Ser Ser Leu Tyr Pro	55
595 600 605	
Ser Ile Met Met Ala His Asn Leu Cys Tyr Thr Thr Leu Leu Arg Pro	60
610 615 620	
Gly Thr Ala Gln Lys Leu Gly Leu Thr Glu Asp Gln Phe Ile Arg Thr	65
625 630 635 640	

DE 198 40 771 A 1

Pro Thr Gly Asp Glu Phe Val Lys Thr Ser Val Arg Lys Gly Leu Leu
645 650 655

⁵ Pro Gln Ile Leu Glu Asn Leu Leu Ser Ala Arg Lys Arg Ala Lys Ala
660 665 670

¹⁰ Glu Leu Ala Lys Glu Thr Asp Pro Leu Arg Arg Gln Val Leu Asp Gly
675 680 685

Arg Gln Leu Ala Leu Lys Val Ser Ala Asn Ser Val Tyr Gly Phe Thr
¹⁵ 690 695 700

Gly Ala Gln Val Gly Lys Leu Pro Cys Leu Glu Ile Ser Gln Ser Val
705 710 715 720

²⁰ Thr Gly Phe Gly Arg Gln Met Ile Glu Lys Thr Lys Gln Leu Val Glu
725 730 735

²⁵ Ser Lys Tyr Thr Val Glu Asn Gly Tyr Ser Thr Ser Ala Lys Val Val
740 745 750

³⁰ Tyr Gly Asp Thr Asp Ser Val Met Cys Arg Phe Gly Val Ser Ser Val
755 760 765

Ala Glu Ala Met Ala Leu Gly Arg Glu Ala Ala Asp Trp Val Ser Gly
³⁵ 770 775 780

His Phe Pro Ser Pro Ile Arg Leu Glu Phe Glu Lys Val Tyr Phe Pro
785 790 795 800

⁴⁰ Tyr Leu Leu Ile Ser Lys Lys Arg Tyr Ala Gly Leu Leu Phe Ser Ser
805 810 815

⁴⁵ Arg Pro Asp Ala His Asp Arg Met Asp Cys Lys Gly Leu Glu Ala Val
820 825 830

Arg Arg Asp Asn Cys Pro Leu Val Ala Asn Leu Val Thr Ala Ser Leu
⁵⁰ 835 840 845

Arg Arg Leu Leu Ile Asp Arg Asp Pro Glu Gly Ala Val Ala His Ala
⁵⁵ 850 855 860

Gln Asp Val Ile Ser Asp Leu Leu Cys Asn Arg Ile Asp Ile Ser Gln
865 870 875 880

⁶⁰ Leu Val Ile Thr Lys Glu Leu Thr Arg Ala Ala Ser Asp Tyr Ala Gly
885 890 895

⁶⁵

DE 198 40 771 A 1

Lys Gln Ala His Val Glu Leu Ala Glu Arg Met Arg Lys Arg Asp Pro
900 905 910

Gly S r Ala Pro Ser Leu Gly Asp Arg Val Pro Tyr Val Ile Ile Ser
915 920 925

Ala Ala Lys Gly Val Ala Ala Tyr Met Lys Ser Glu Asp Pro Leu Phe
930 935 940

Val Leu Glu His Ser Leu Pro Ile Asp Thr Gln Tyr Tyr Leu Glu Gln
945 950 955 960

Gln Leu Ala Lys Pro Leu Leu Arg Ile Phe Glu Pro Ile Leu Gly Glu
965 970 975

Gly Arg Ala Glu Ala Val Leu Leu Arg Gly Asp His Thr Arg Cys Lys
980 985 990

Thr Val Leu Thr Gly Lys Val Gly Gly Leu Leu Ala Phe Ala Lys Arg
995 1000 1005

Arg Asn Cys Cys Ile Gly Cys Arg Thr Val Leu Ser His Gln Gly Ala
1010 1015 1020

Val Cys Glu Phe Cys Gln Pro Arg Glu Ser Glu Leu Tyr Gln Lys Glu
1025 1030 1035 1040

Val Ser His Leu Asn Ala Leu Glu Glu Arg Phe Ser Arg Leu Trp Thr
1045 1050 1055

Gln Cys Gln Arg Cys Gln Gly Ser Leu His Glu Asp Val Ile Cys Thr
1060 1065 1070

Ser Arg Asp Cys Pro Ile Phe Tyr Met Arg Lys Lys Val Arg Lys Asp
1075 1080 1085

Leu Glu Asp Gln Glu Gln Leu Leu Arg Arg Phe Gly Pro Pro Gly Pro
1090 1095 1100

Glu Ala Trp
1105

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 781 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: Archaeoglobus fulgidus

10

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

15

Met Glu Arg Val Glu Gly Trp Leu Ile Asp Ala Asp Tyr Glu Thr Ile
 1 5 10 15

20

Gly Gly Lys Ala Val Val Arg Leu Trp Cys Lys Asp Asp Gln Gly Ile
 20 25 30

25

Phe Val Ala Tyr Asp Tyr Asn Phe Asp Pro Tyr Phe Tyr Val Ile Gly
 35 40 45

30

Val Asp Glu Asp Ile Leu Lys Asn Ala Ala Thr Ser Thr Arg Arg Glu
 50 55 60

35

Val Ile Lys Leu Lys Ser Phe Glu Lys Ala Gln Leu Lys Thr Leu Gly
 65 70 75 80

40

Arg Glu Val Glu Gly Tyr Ile Val Tyr Ala His His Pro Gln His Val
 85 90 95

Pro Lys Leu Arg Asp Tyr Leu Ser Gln Phe Gly Asp Val Arg Glu Ala
 100 105 110

45

Asp Ile Pro Phe Ala Tyr Arg Tyr Leu Ile Asp Lys Asp Leu Ala Cys
 115 120 125

50

Met Asp Gly Ile Ala Ile Glu Gly Glu Lys Gln Gly Gly Val Ile Arg
 130 135 140

Ser Tyr Lys Ile Glu Lys Val Glu Arg Ile Pro Arg Met Glu Phe Pro
 145 150 155 160

55

Glu Leu Lys Met Leu Val Phe Asp Cys Glu Met Leu Ser Ser Phe Gly
 165 170 175

60

Met Pro Glu Pro Glu Lys Asp Pro Ile Ile Val Ile Ser Val Lys Thr
 180 185 190

65

DE 198 40 771 A 1

Asn Asp Asp Asp Glu Ile Ile Leu Thr Gly Asp Glu Arg Lys Ile Ile	
195 200 205	
Ser Asp Phe Val Lys Leu Ile Lys Ser Tyr Asp Pro Asp Ile Ile Val	5
210 215 220	
Gly Tyr Asn Gln Asp Ala Phe Asp Trp Pro Tyr Leu Arg Lys Arg Ala	10
225 230 235 240	
Glu Arg Trp Asn Ile Pro Leu Asp Val Gly Arg Asp Gly Ser Asn Val	15
245 250 255	
Val Phe Arg Gly Gly Arg Pro Lys Ile Thr Gly Arg Leu Asn Val Asp	20
260 265 270	
Leu Tyr Asp Ile Ala Met Arg Ile Ser Asp Ile Lys Ile Lys Lys Leu	25
275 280 285	
Glu Asn Val Ala Glu Phe Leu Gly Thr Lys Ile Glu Ile Ala Asp Ile	30
290 295 300	
Glu Ala Lys Asp Ile Tyr Arg Tyr Trp Ser Arg Gly Glu Lys Glu Lys	35
305 310 315 320	
Val Leu Asn Tyr Ala Arg Gln Asp Ala Ile Asn Thr Tyr Leu Ile Ala	40
325 330 335	
Lys Glu Leu Leu Pro Met His Tyr Glu Leu Ser Lys Met Ile Arg Leu	45
340 345 350	
Pro Val Asp Asp Val Thr Arg Met Gly Arg Gly Lys Gln Val Asp Trp	50
355 360 365	
Leu Leu Leu Ser Glu Ala Lys Lys Ile Gly Glu Ile Ala Pro Asn Pro	55
370 375 380	
Pro Glu His Ala Glu Ser Tyr Glu Gly Ala Phe Val Leu Glu Pro Glu	60
385 390 395 400	
Arg Gly Leu His Glu Asn Val Ala Cys Leu Asp Phe Ala Ser Met Tyr	65
405 410 415	
Pro Ser Ile Met Ile Ala Phe Asn Ile Ser Pro Asp Thr Tyr Gly Cys	
420 425 430	
Arg Asp Asp Cys Tyr Glu Ala Pro Glu Val Gly His Lys Phe Arg Lys	
435 440 445	

DE 198 40 771 A 1

Ser Pro Asp Gly Phe Phe Lys Arg Ile Leu Arg Met Leu Ile Glu Lys
 450 455 460

5 Arg Arg Glu Leu Lys Val Glu Leu Lys Asn Leu Ser Pro Glu Ser Ser
 465 470 475 480

10 Glu Tyr Lys Leu Leu Asp Ile Lys Gln Gln Thr Leu Lys Val Leu Thr
 485 490 495

15 Asn Ser Phe Tyr Gly Tyr Met Gly Trp Asn Leu Ala Arg Trp Tyr Cys
 500 505 510

His Pro Cys Ala Glu Ala Thr Thr Ala Trp Gly Arg His Phe Ile Arg
 515 520 525

20 Thr Ser Ala Lys Ile Ala Glu Ser Met Gly Phe Lys Val Leu Tyr Gly
 530 535 540

25 Asp Thr Asp Ser Ile Phe Val Thr Lys Ala Gly Met Thr Lys Glu Asp
 545 550 555 560

30 Val Asp Arg Leu Ile Asp Lys Leu His Glu Glu Leu Pro Ile Gln Ile
 565 570 575

35 Glu Val Asp Glu Tyr Tyr Ser Ala Ile Phe Phe Val Glu Lys Lys Arg
 580 585 590

Tyr Ala Gly Leu Thr Glu Asp Gly Arg Leu Val Val Lys Gly Leu Glu
 595 600 605

40 Val Arg Arg Gly Asp Trp Cys Glu Leu Ala Lys Lys Val Gln Arg Glu
 610 615 620

45 Val Ile Glu Val Ile Leu Lys Glu Lys Asn Pro Glu Lys Ala Leu Ser
 625 630 635 640

50 Leu Val Lys Asp Val Ile Leu Arg Ile Lys Glu Gly Lys Val Ser Leu
 645 650 655

55 Glu Glu Val Val Ile Tyr Lys Gly Leu Thr Lys Lys Pro Ser Lys Tyr
 660 665 670

Glu Ser Met Gln Ala His Val Lys Ala Ala Leu Lys Ala Arg Glu Met
 675 680 685

60 Gly Ile Ile Tyr Pro Val Ser Ser Lys Ile Gly Tyr Val Ile Val Lys
 690 695 700

65

DE 198 40 771 A 1

Gly Ser Gly Asn Ile Gly Asp Arg Ala Tyr Pro Ile Asp Leu Ile Glu
705 710 715 720

5

Asp Phe Asp Gly Glu Asn Leu Arg Ile Lys Thr Lys Ser Gly Ile Glu
725 730 735

Ile Lys Lys Leu Asp Lys Asp Tyr Tyr Ile Asp Asn Gln Ile Ile Pro
740 745 750

10

Ser Val Leu Arg Ile Leu Glu Arg Phe Gly Tyr Thr Glu Ala Ser Leu
755 760 765

15

Lys Gly Ser Ser Gln Met Ser Leu Asp Ser Phe Phe Ser
770 775 780

20

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

25

(A) LÄNGE: 1634 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: Methanococcus jannaschii

40

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

Met Gly Met Ser Met Gly Lys Ile Lys Ile Asp Ala Leu Ile Asp Asn
1 5 10 15

45

Thr Tyr Lys Thr Ile Glu Asp Lys Ala Val Ile Tyr Leu Tyr Leu Ile
20 25 30

50

Asn Ser Ile Leu Lys Asp Arg Asp Phe Lys Pro Tyr Phe Tyr Val Glu
35 40 45

55

Leu His Lys Glu Lys Val Glu Asn Glu Asp Ile Glu Lys Ile Lys Glu
50 55 60

Phe Leu Leu Lys Asn Asp Leu Leu Lys Phe Val Glu Asn Ile Glu Val
65 70 75 80

60

65

DE 198 40 771 A 1

Val Lys Lys Ile Ile Leu Arg Lys Glu Lys Glu Val Ile Lys Ile Ile
85 90 95

5 Ala Thr His Pro Gln Lys Val Pro Lys Leu Arg Lys Ile Lys Glu Cys
100 105 110

10 Glu Ile Val Lys Glu Ile Tyr Glu His Asp Ile Pro Phe Ala Lys Arg
115 120 125

Tyr Leu Ile Asp Asn Glu Ile Ile Pro Met Thr Tyr Trp Asp Phe Glu
15 130 135 140

Asn Lys Lys Pro Val Ser Ile Glu Ile Pro Lys Leu Lys Ser Val Ala
145 150 155 160

20 Phe Asp Met Glu Val Tyr Asn Arg Asp Thr Glu Pro Asn Pro Glu Arg
165 170 175

25 Asp Pro Ile Leu Met Ala Ser Phe Trp Asp Glu Asn Gly Gly Lys Val
180 185 190

30 Ile Thr Tyr Lys Glu Phe Asn His Pro Asn Ile Glu Val Val Lys Asn
195 200 205

Glu Lys Glu Leu Ile Lys Lys Ile Ile Glu Thr Leu Lys Glu Tyr Asp
35 210 215 220

Val Ile Tyr Thr Tyr Asn Gly Asp Asn Phe Asp Phe Pro Tyr Leu Lys
225 230 235 240

40 Ala Arg Ala Lys Ile Tyr Gly Ile Asp Ile Asn Leu Gly Lys Asp Gly
245 250 255

45 Glu Glu Leu Lys Ile Lys Arg Gly Gly Met Glu Tyr Arg Ser Tyr Ile
260 265 270

Pro Gly Arg Val His Ile Asp Leu Tyr Pro Ile Ser Arg Arg Leu Leu
50 275 280 285

Lys Leu Thr Lys Tyr Thr Leu Glu Asp Val Val Tyr Asn Leu Phe Gly
55 290 295 300

Ile Glu Lys Leu Lys Ile Pro His Thr Lys Ile Val Asp Tyr Trp Ala
305 310 315 320

60 Asn Asn Asp Lys Thr Leu Ile Glu Tyr Ser Leu Gln Asp Ala Lys Tyr
325 330 335

65

DE 198 40 771 A 1

Thr Tyr Lys Ile Gly Lys Tyr Phe Phe Pro Leu Glu Val Met Phe Ser	
340 345 350	
Arg Ile Val Asn Gln Thr Pro Phe Glu Ile Thr Arg Met Ser Ser Gly	5
355 360 365	
Gln Met Val Glu Tyr Leu Leu Met Lys Arg Ala Phe Lys Glu Asn Met	10
370 375 380	
Ile Val Pro Asn Lys Pro Asp Glu Glu Glu Tyr Arg Arg Arg Val Leu	15
385 390 395 400	
Thr Thr Tyr Glu Gly Gly Tyr Val Lys Glu Pro Glu Lys Gly Met Phe	20
405 410 415	
Glu Asp Ile Ile Ser Met Asp Phe Arg Cys His Pro Lys Gly Thr Lys	25
420 425 430	
Val Val Val Lys Gly Lys Gly Ile Val Asn Ile Glu Asp Val Lys Glu	30
435 440 445	
Gly Asn Tyr Val Leu Gly Ile Asp Gly Trp Gln Lys Val Lys Lys Val	35
450 455 460	
Trp Lys Tyr Glu Tyr Glu Gly Glu Leu Ile Asn Val Asn Gly Leu Lys	40
465 470 475 480	
Cys Thr Pro Asn His Lys Ile Pro Leu Arg Tyr Lys Ile Lys His Lys	45
485 490 495	
Lys Ile Asn Lys Asn Asp Tyr Leu Val Arg Asp Ile Tyr Ala Lys Ser	50
500 505 510	
Leu Leu Thr Lys Phe Lys Gly Glu Gly Lys Leu Ile Leu Cys Lys Asp	55
515 520 525	
Phe Glu Thr Ile Gly Asn Tyr Glu Lys Tyr Ile Asn Asp Met Asp Glu	60
530 535 540	
Asp Phe Ile Leu Lys Ser Glu Leu Ile Gly Ile Leu Leu Ala Glu Gly	65
545 550 555 560	
His Leu Leu Arg Arg Asp Ile Glu Tyr Phe Asp Ser Ser Arg Gly Lys	
565 570 575	
Lys Arg Ile Ser His Gln Tyr Arg Val Glu Ile Thr Val Asn Glu Asp	
580 585 590	

DE 198 40 771 A 1

Glu Lys Asp Phe Ile Glu Lys Ile Lys Tyr Ile Phe Lys Lys Leu Phe
 595 600 605
 5 Asn Tyr Glu Leu Tyr Val Arg Arg Lys Lys Gly Thr Lys Ala Ile Thr
 610 615 620
 10 Leu Gly Cys Ala Lys Lys Asp Ile Tyr Leu Lys Ile Glu Glu Ile Leu
 625 630 635 640
 15 Lys Asn Lys Glu Lys Tyr Leu Pro Asn Ala Ile Leu Arg Gly Phe Phe
 645 650 655
 20 Glu Gly Asp Gly Tyr Val Asn Thr Val Arg Arg Ala Val Val Val Asn
 660 665 670
 25 Gln Gly Thr Asn Asn Tyr Asp Lys Ile Lys Phe Ile Ala Ser Leu Leu
 675 680 685
 30 Asp Arg Leu Gly Ile Lys Tyr Ser Phe Tyr Thr Tyr Ser Tyr Glu Glu
 690 695 700
 35 Arg Gly Lys Lys Leu Lys Arg Tyr Val Ile Glu Ile Phe Ser Lys Gly
 705 710 715 720
 40 Asp Leu Ile Lys Phe Ser Ile Leu Ile Ser Phe Ile Ser Arg Arg Lys
 725 730 735
 45 Asn Asn Leu Leu Asn Glu Ile Ile Arg Gln Lys Thr Leu Tyr Lys Ile
 740 745 750
 50 Gly Asp Tyr Gly Phe Tyr Asp Leu Asp Asp Val Cys Val Ser Leu Glu
 755 760 765
 55 Ser Tyr Lys Gly Glu Val Tyr Asp Leu Thr Leu Glu Gly Arg Pro Tyr
 770 775 780
 60 Tyr Phe Ala Asn Gly Ile Leu Thr His Asn Ser Leu Tyr Pro Ser Ile
 785 790 795 800
 65 Ile Ile Ser Tyr Asn Ile Ser Pro Asp Thr Leu Asp Cys Glu Cys Cys
 805 810 815
 70 Lys Asp Val Ser Glu Lys Ile Leu Gly His Trp Phe Cys Lys Lys Lys
 820 825 830
 75 Glu Gly Leu Ile Pro Lys Thr Leu Arg Asn Leu Ile Glu Arg Arg Ile
 835 840 845

DE 198 40 771 A 1

Asn Ile Lys Arg Arg Met Lys Lys Met Ala Glu Ile Gly Glu Ile Asn	5
850 855 860	
Glu Glu Tyr Asn Leu Leu Asp Tyr Glu Gln Lys Ser Leu Lys Ile Leu	
865 870 875 880	
Ala Asn Ser Ile Leu Pro Asp Glu Tyr Leu Thr Ile Ile Glu Glu Asp	10
885 890 895	
Gly Ile Lys Val Val Lys Ile Gly Glu Tyr Ile Asp Asp Leu Met Arg	15
900 905 910	
Lys His Lys Asp Lys Ile Lys Phe Ser Gly Ile Ser Glu Ile Leu Glu	20
915 920 925	
Thr Lys Asn Leu Lys Thr Phe Ser Phe Asp Lys Ile Thr Lys Lys Cys	25
930 935 940	
Glu Ile Lys Lys Val Lys Ala Leu Ile Arg His Pro Tyr Phe Gly Lys	30
945 950 955 960	
Ala Tyr Lys Ile Lys Leu Arg Ser Gly Arg Thr Ile Lys Val Thr Arg	35
965 970 975	
Gly His Ser Leu Phe Lys Tyr Glu Asn Gly Lys Ile Val Glu Val Lys	40
980 985 990	
Gly Asp Asp Val Arg Phe Gly Asp Leu Ile Val Val Pro Lys Lys Leu	45
995 1000 1005	
Thr Cys Val Asp Lys Glu Val Val Ile Asn Ile Pro Lys Arg Leu Ile	50
1010 1015 1020	
Asn Ala Asp Glu Glu Glu Ile Lys Asp Leu Val Ile Thr Lys His Lys	55
1025 1030 1035 1040	
Asp Lys Ala Phe Phe Val Lys Leu Lys Lys Thr Leu Glu Asp Ile Glu	60
1045 1050 1055	
Asn Asn Lys Leu Lys Val Ile Phe Asp Asp Cys Ile Leu Tyr Leu Lys	65
1060 1065 1070	
Glu Leu Gly Leu Ile Asp Tyr Asn Ile Ile Lys Lys Ile Asn Lys Val	
1075 1080 1085	
Asp Ile Lys Ile Leu Asp Glu Glu Lys Phe Lys Ala Tyr Lys Lys Tyr	
1090 1095 1100	

DE 198 40 771 A 1

Phe Asp Thr Val Ile Glu His Gly Asn Phe Lys Lys Gly Arg Cys Asn
 1105 1110 1115 1120
 5 Ile Gln Tyr Ile Lys Ile Lys Asp Tyr Ile Ala Asn Ile Pro Asp Lys
 1125 1130 1135
 10 Glu Phe Glu Asp Cys Glu Ile Gly Ala Tyr Ser Gly Lys Ile Asn Ala
 1140 1145 1150
 15 Leu Leu Lys Leu Asp Glu Lys Leu Ala Lys Phe Leu Gly Phe Phe Val
 1155 1160 1165
 20 Thr Arg Gly Arg Leu Lys Lys Gln Lys Leu Lys Gly Glu Thr Val Tyr
 1170 1175 1180
 Glu Ile Ser Val Tyr Lys Ser Leu Pro Glu Tyr Gln Lys Glu Ile Ala
 1185 1190 1195 1200
 25 Glu Thr Phe Lys Glu Val Phe Gly Ala Gly Ser Met Val Lys Asp Lys
 1205 1210 1215
 30 Val Thr Met Asp Asn Lys Ile Val Tyr Leu Val Leu Lys Tyr Ile Phe
 1220 1225 1230
 35 Lys Cys Gly Asp Lys Asp Lys Lys His Ile Pro Glu Glu Leu Phe Leu
 1235 1240 1245
 40 Ala Ser Glu Ser Val Ile Lys Ser Phe Leu Asp Gly Phe Leu Lys Ala
 1250 1255 1260
 Lys Lys Asn Ser His Lys Gly Thr Ser Thr Phe Met Ala Lys Asp Glu
 1265 1270 1275 1280
 45 Lys Tyr Leu Asn Gln Leu Met Ile Leu Phe Asn Leu Val Gly Ile Pro
 1285 1290 1295
 50 Thr Arg Phe Thr Pro Val Lys Asn Lys Gly Tyr Lys Leu Thr Leu Asn
 1300 1305 1310
 55 Pro Lys Tyr Gly Thr Val Lys Asp Leu Met Leu Asp Glu Val Lys Glu
 1315 1320 1325
 Ile Glu Ala Phe Glu Tyr Ser Gly Tyr Val Tyr Asp Leu Ser Val Glu
 1330 1335 1340
 60 Asp Asn Glu Asn Phe Leu Val Asn Asn Ile Tyr Ala His Asn Ser Val
 1345 1350 1355 1360
 65

DE 198 40 771 A 1

Tyr Gly Tyr Leu Ala Phe Pro Arg Ala Arg Phe Tyr Ser Arg Glu Cys
1365 1370 1375

Ala Glu Ile Val Thr Tyr Leu Gly Arg Lys Tyr Ile Leu Glu Thr Val
1380 1385 1390

Lys Glu Ala Glu Lys Phe Gly Phe Lys Val Leu Tyr Ile Asp Thr Asp
1395 1400 1405

Gly Phe Tyr Ala Ile Trp Lys Glu Lys Ile Ser Lys Glu Glu Leu Ile
1410 1415 1420

Lys Lys Ala Met Glu Phe Val Glu Tyr Ile Asn Ser Lys Leu Pro Gly
1425 1430 1435 1440

Thr Met Glu Leu Glu Phe Glu Gly Tyr Phe Lys Arg Gly Ile Phe Val
1445 1450 1455

Thr Lys Lys Arg Tyr Ala Leu Ile Asp Glu Asn Gly Arg Val Thr Val
1460 1465 1470

Lys Gly Leu Glu Phe Val Arg Arg Asp Trp Ser Asn Ile Ala Lys Ile
1475 1480 1485

Thr Gln Arg Arg Val Leu Glu Ala Leu Leu Val Glu Gly Ser Ile Glu
1490 1495 1500

Lys Ala Lys Lys Ile Ile Gln Asp Val Ile Lys Asp Leu Arg Glu Lys
1505 1510 1515 1520

Lys Ile Lys Lys Glu Asp Leu Ile Ile Tyr Thr Gln Leu Thr Lys Asp
1525 1530 1535

Pro Lys Glu Tyr Lys Thr Thr Ala Pro His Val Glu Ile Ala Lys Lys
1540 1545 1550

Leu Met Arg Glu Gly Lys Arg Ile Lys Val Gly Asp Ile Ile Gly Tyr
1555 1560 1565

Ile Ile Val Lys Gly Thr Lys Ser Ile Ser Glu Arg Ala Lys Leu Pro
1570 1575 1580

Glu Glu Val Asp Ile Asp Asp Ile Asp Val Asn Tyr Tyr Ile Asp Asn
1585 1590 1595 1600

Gln Ile Leu Pro Pro Val Leu Arg Ile Met Glu Ala Val Gly Val Ser
1605 1610 1615

DE 198 40 771 A 1

Lys Asn Glu Leu Lys Lys Glu Gly Ala Gln Leu Thr Leu Asp Lys Phe
1620 1625 1630

5 Phe Lys

10 (2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- 15 (A) LÄNGE: 1235 Aminosäuren
(B) ART: Aminosäure
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

- 25 (A) ORGANISMUS: Pyrococcus horikoshii

30 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

Met Ile Leu Asp Ala Asp Tyr Ile Thr Glu Asp Gly Lys Pro Ile Ile
1 5 10 15
35 Arg Ile Phe Lys Lys Glu Asn Gly Glu Phe Lys Val Glu Tyr Asp Arg
20 25 30
40 Asn Phe Arg Pro Tyr Ile Tyr Ala Leu Leu Arg Asp Asp Ser Ala Ile
35 40 45
45 Asp Glu Ile Lys Lys Ile Thr Ala Gln Arg His Gly Lys Val Val Arg
50 55 60
Ile Val Glu Thr Glu Lys Ile Gln Arg Lys Phe Leu Gly Arg Pro Ile
65 70 75 80
50 Glu Val Trp Lys Leu Tyr Leu Glu His Pro Gln Asp Val Pro Ala Ile
85 90 95
55 Arg Asp Lys Ile Arg Glu His Pro Ala Val Val Asp Ile Phe Glu Tyr
100 105 110
60 Asp Ile Pro Phe Ala Lys Arg Tyr Leu Ile Asp Lys Gly Leu Thr Pro
115 120 125

65

DE 198 40 771 A 1

Met Glu Gly Asn Glu Lys Leu Thr Phe Leu Ala Val Asp Ile Glu Thr	
130 135 140	
Leu Tyr His Glu Gly Glu Glu Phe Gly Lys Gly Pro Val Ile Met Ile	5
145 150 155 160	
Ser Tyr Ala Asp Glu Glu Gly Ala Lys Val Ile Thr Trp Lys Lys Ile	10
165 170 175	
Asp Leu Pro Tyr Val Glu Val Val Ser Ser Glu Arg Glu Met Ile Lys	15
180 185 190	
Arg Leu Ile Arg Val Ile Lys Glu Lys Asp Pro Asp Val Ile Ile Thr	20
195 200 205	
Tyr Asn Gly Asp Asn Phe Asp Phe Pro Tyr Leu Leu Lys Arg Ala Glu	
210 215 220	
Lys Leu Gly Ile Lys Leu Leu Leu Gly Arg Asp Asn Ser Glu Pro Lys	25
225 230 235 240	
Met Gln Lys Met Gly Asp Ser Leu Ala Val Glu Ile Lys Gly Arg Ile	30
245 250 255	
His Phe Asp Leu Phe Pro Val Ile Arg Arg Thr Ile Asn Leu Pro Thr	35
260 265 270	
Tyr Thr Leu Glu Ala Val Tyr Glu Ala Ile Phe Gly Lys Pro Lys Glu	40
275 280 285	
Lys Val Tyr Ala Asp Glu Ile Ala Lys Ala Trp Glu Thr Gly Glu Gly	
290 295 300	
Leu Glu Arg Val Ala Lys Tyr Ser Met Glu Asp Ala Lys Val Thr Tyr	45
305 310 315 320	
Glu Leu Gly Arg Glu Phe Phe Pro Met Glu Ala Gln Leu Ala Arg Leu	50
325 330 335	
Val Gly Gln Pro Val Trp Asp Val Ser Arg Ser Ser Thr Gly Asn Leu	55
340 345 350	
Val Glu Trp Phe Leu Leu Arg Lys Ala Tyr Glu Arg Asn Glu Leu Ala	
355 360 365	
Pro Asn Lys Pro Asp Glu Lys Glu Tyr Glu Arg Arg Leu Arg Glu Ser	60
370 375 380	
	65

DE 198 40 771 A 1

Tyr Glu Gly Gly Tyr Val Lys Glu Pro Glu Lys Gly Leu Trp Glu Gly
 385 390 395 400
 5 Ile Val Ser Leu Asp Phe Arg Ser Leu Tyr Pro Ser Ile Ile Ile Thr
 405 410 415
 10 His Asn Val Ser Pro Asp Thr Leu Asn Arg Glu Gly Cys Glu Glu Tyr
 420 425 430
 Asp Val Ala Pro Lys Val Gly His Arg Phe Cys Lys Asp Phe Pro Gly
 15 435 440 445
 Phe Ile Pro Ser Leu Leu Gly Gln Leu Leu Glu Glu Arg Gln Lys Ile
 450 455 460
 20 Lys Lys Arg Met Lys Glu Ser Lys Asp Pro Val Glu Lys Lys Leu Leu
 465 470 475 480
 25 Asp Tyr Arg Gln Arg Ala Ile Lys Ile Leu Ala Asn Ser Ile Leu Pro
 485 490 495
 30 Asp Glu Trp Leu Pro Ile Val Glu Asn Glu Lys Val Arg Phe Val Lys
 500 505 510
 Ile Gly Asp Phe Ile Asp Arg Glu Ile Glu Glu Asn Ala Glu Arg Val
 35 515 520 525
 Lys Arg Asp Gly Glu Thr Glu Ile Leu Glu Val Lys Asp Leu Lys Ala
 530 535 540
 40 Leu Ser Phe Asn Arg Glu Thr Lys Lys Ser Glu Leu Lys Lys Val Lys
 545 550 555 560
 45 Ala Leu Ile Arg His Arg Tyr Ser Gly Lys Val Tyr Ser Ile Lys Leu
 565 570 575
 Lys Ser Gly Arg Arg Ile Lys Ile Thr Ser Gly His Ser Leu Phe Ser
 50 580 585 590
 Val Lys Asn Gly Lys Leu Val Lys Val Arg Gly Asp Glu Leu Lys Pro
 55 595 600 605
 Gly Asp Leu Val Val Val Pro Gly Arg Leu Lys Leu Pro Glu Ser Lys
 610 615 620
 60 Gln Val Leu Asn Leu Val Glu Leu Leu Leu Lys Leu Pro Glu Glu Glu
 625 630 635 640
 65

DE 198 40 771 A 1

Thr Ser Asn Ile Val Met Met Ile Pro Val Lys Gly Arg Lys Asn Phe	
645 650 655	
Phe Lys Gly Met Leu Lys Thr Leu Tyr Trp Ile Phe Gly Glu Gly Glu	5
660 665 670	
Arg Pro Arg Thr Ala Gly Arg Tyr Leu Lys His Leu Glu Arg Leu Gly	10
675 680 685	
Tyr Val Lys Leu Lys Arg Arg Gly Cys Glu Val Leu Asp Trp Glu Ser	15
690 695 700	
Leu Lys Arg Tyr Arg Lys Leu Tyr Glu Thr Leu Ile Lys Asn Leu Lys	20
705 710 715 720	
Tyr Asn Gly Asn Ser Arg Ala Tyr Met Val Glu Phe Asn Ser Leu Arg	
725 730 735	
Asp Val Val Ser Leu Met Pro Ile Glu Glu Leu Lys Glu Trp Ile Ile	25
740 745 750	
Gly Glu Pro Arg Gly Pro Lys Ile Gly Thr Phe Ile Asp Val Asp Asp	30
755 760 765	
Ser Phe Ala Lys Leu Leu Gly Tyr Tyr Ile Ser Ser Gly Asp Val Glu	35
770 775 780	
Lys Asp Arg Val Lys Phe His Ser Lys Asp Gln Asn Val Leu Glu Asp	40
785 790 795 800	
Ile Ala Lys Leu Ala Glu Lys Leu Phe Gly Lys Val Arg Arg Gly Arg	
805 810 815	
Gly Tyr Ile Glu Val Ser Gly Lys Ile Ser His Ala Ile Phe Arg Val	45
820 825 830	
Leu Ala Glu Gly Lys Arg Ile Pro Glu Phe Ile Phe Thr Ser Pro Met	50
835 840 845	
Asp Ile Lys Val Ala Phe Leu Lys Gly Leu Asn Gly Asn Ala Glu Glu	55
850 855 860	
Leu Thr Phe Ser Thr Lys Ser Glu Leu Leu Val Asn Gln Leu Ile Leu	60
865 870 875 880	
Leu Leu Asn Ser Ile Gly Val Ser Asp Ile Lys Ile Glu His Glu Lys	
885 890 895	
	65

DE 198 40 771 A 1

Gly Val Tyr Arg Val Tyr Ile Asn Lys Lys Glu Ser Ser Asn Gly Asp
 900 905 910
 5 Ile Val Leu Asp Ser Val Glu Ser Ile Glu Val Glu Lys Tyr Glu Gly
 915 920 925
 10 Tyr Val Tyr Asp Leu Ser Val Glu Asp Asn Glu Asn Phe Leu Val Gly
 930 935 940
 Phe Gly Leu Leu Tyr Ala His Asn Ser Tyr Tyr Gly Tyr Tyr Gly Tyr
 15 945 950 955 960
 Ala Lys Ala Arg Trp Tyr Cys Lys Glu Cys Ala Glu Ser Val Thr Ala
 965 970 975
 20 Trp Gly Arg Gln Tyr Ile Asp Leu Val Arg Arg Glu Leu Glu Ala Arg
 980 985 990
 25 Gly Phe Lys Val Leu Tyr Ile Asp Thr Asp Gly Leu Tyr Ala Thr Ile
 995 1000 1005
 30 Pro Gly Val Lys Asp Trp Glu Glu Val Lys Arg Arg Ala Leu Glu Phe
 1010 1015 1020
 Val Asp Tyr Ile Asn Ser Lys Leu Pro Gly Val Leu Glu Leu Glu Tyr
 35 1025 1030 1035 1040
 Glu Gly Phe Tyr Ala Arg Gly Phe Phe Val Thr Lys Lys Lys Tyr Ala
 1045 1050 1055
 40 Leu Ile Asp Glu Glu Gly Lys Ile Val Thr Arg Gly Leu Glu Ile Val
 1060 1065 1070
 45 Arg Arg Asp Trp Ser Glu Ile Ala Lys Glu Thr Gln Ala Arg Val Leu
 1075 1080 1085
 Glu Ala Ile Leu Lys His Gly Asn Val Glu Glu Ala Val Lys Ile Val
 50 1090 1095 1100
 Lys Asp Val Thr Glu Lys Leu Thr Asn Tyr Glu Val Pro Pro Glu Lys
 55 1105 1110 1115 1120
 Leu Val Ile Tyr Glu Gln Ile Thr Arg Pro Ile Asn Glu Tyr Lys Ala
 1125 1130 1135
 60 Ile Gly Pro His Val Ala Val Ala Lys Arg Leu Met Ala Arg Gly Ile
 1140 1145 1150
 65

DE 198 40 771 A 1

Lys Val Lys Pro Gly Met Val Ile Gly Tyr Ile Val Leu Arg Gly Asp
1155 1160 1165

Gly Pro Ile Ser Lys Arg Ala Ile Ser Ile Glu Glu Phe Asp Pro Arg
1170 1175 1180

Lys His Lys Tyr Asp Ala Glu Tyr Tyr Ile Glu Asn Gln Val Leu Pro
1185 1190 1195 1200

Ala Val Glu Arg Ile Leu Lys Ala Phe Gly Tyr Lys Arg Glu Asp Leu
1205 1210 1215

Arg Trp Gln Lys Thr Lys Gln Val Gly Leu Gly Ala Trp Ile Lys Val
1220 1225 1230

Lys Lys Ser
1235

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 586 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: *Methanobacterium thermoautotrophicum*

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

Met Glu Asp Tyr Arg Met Val Leu Leu Asp Ile Asp Tyr Val Thr Val
1 5 10 15

Asp Glu Val Pro Val Ile Arg Leu Phe Gly Lys Asp Lys Ser Gly Gly
20 25 30

Asn Glu Pro Ile Ile Ala His Asp Arg Ser Phe Arg Pro Tyr Ile Tyr
35 40 45

Ala Ile Pro Thr Asp Leu Asp Glu Cys Leu Arg Glu Leu Glu Glu Leu
50 55 60

DE 198 40 771 A 1

Glu Leu Glu Lys Leu Glu Val Lys Glu Met Arg Asp Leu Gly Arg Pro
 65 70 75 80
 5 Thr Glu Val Ile Arg Ile Glu Phe Arg His Pro Gln Asp Val Pro Lys
 85 90 95
 10 Ile Arg Asp Arg Ile Arg Asp Leu Glu Ser Val Arg Asp Ile Arg Glu
 100 105 110
 15 His Asp Ile Pro Phe Tyr Arg Arg Tyr Leu Ile Asp Lys Ser Ile Val
 115 120 125
 20 Pro Met Glu Glu Leu Glu Phe Gln Gly Val Glu Val Asp Ser Ala Pro
 130 135 140
 Ser Val Thr Thr Asp Val Arg Thr Val Glu Val Thr Gly Arg Val Gln
 145 150 155 160
 25 Ser Thr Gly Ser Gly Ala His Gly Leu Asp Ile Leu Ser Phe Asp Ile
 165 170 175
 30 Glu Val Arg Asn Pro His Gly Met Pro Asp Pro Glu Lys Asp Glu Ile
 180 185 190
 35 Val Met Ile Gly Val Ala Gly Asn Met Gly Tyr Glu Ser Val Ile Ser
 195 200 205
 40 Thr Ala Gly Asp His Leu Asp Phe Val Glu Val Val Glu Asp Glu Arg
 210 215 220
 Glu Leu Leu Glu Arg Phe Ala Glu Ile Val Ile Asp Lys Lys Pro Asp
 225 230 235 240
 45 Ile Leu Val Gly Tyr Asn Ser Asp Asn Phe Asp Phe Pro Tyr Ile Thr
 245 250 255
 50 Arg Arg Ala Ala Ile Leu Gly Ala Glu Leu Asp Leu Gly Trp Asp Gly
 260 265 270
 55 Ser Lys Ile Arg Thr Met Arg Arg Gly Phe Ala Asn Ala Thr Ala Ile
 275 280 285
 Lys Gly Thr Val His Val Asp Leu Tyr Pro Val Met Arg Arg Tyr Met
 290 295 300
 60 Asn Leu Asp Arg Tyr Thr Leu Glu Arg Val Tyr Gln Glu Leu Phe Gly
 305 310 315 320
 65

DE 198 40 771 A 1

Glu Glu Lys Ile Asp Leu Pro Gly Asp Arg Leu Trp Glu Tyr Trp Asp	
325 330 335	
Arg Asp Glu Leu Arg Asp Glu Leu Phe Arg Tyr Ser Leu Asp Asp Val	5
340 345 350	
Val Ala Thr His Arg Ile Ala Glu Lys Ile Leu Pro Leu Asn Leu Glu	10
355 360 365	
Leu Thr Arg Leu Val Gly Gln Pro Leu Phe Asp Ile Ser Arg Met Ala	15
370 375 380	
Thr Gly Gln Gln Ala Glu Trp Phe Leu Val Arg Lys Ala Tyr Gln Tyr	20
385 390 395 400	
Gly Glu Leu Val Pro Asn Lys Pro Ser Gln Ser Asp Phe Ser Ser Arg	25
405 410 415	
Arg Gly Arg Arg Ala Val Gly Gly Tyr Val Lys Glu Pro Glu Lys Gly	30
420 425 430	
Leu His Glu Asn Ile Val Gln Phe Asp Phe Arg Ser Leu Tyr Pro Ser	35
435 440 445	
Ile Ile Ile Ser Lys Asn Ile Ser Pro Asp Thr Leu Thr Asp Asp Glu	40
450 455 460	
Glu Ser Glu Cys Tyr Val Ala Pro Glu Tyr Gly Tyr Arg Phe Arg Lys	45
465 470 475 480	
Ser Pro Arg Gly Phe Val Pro Ser Val Ile Gly Glu Ile Leu Ser Glu	50
485 490 495	
Arg Val Arg Ile Lys Glu Glu Met Lys Gly Ser Asp Asp Pro Met Glu	55
500 505 510	
Arg Lys Ile Leu Asn Val Gln Gln Glu Ala Leu Lys Arg Leu Ala Asn	60
515 520 525	
Thr Met Tyr Gly Val Tyr Gly Tyr Ser Arg Phe Arg Trp Tyr Ser Met	65
530 535 540	
Glu Cys Ala Glu Ala Ile Thr Ala Trp Gly Arg Asp Tyr Ile Lys Lys	
545 550 555 560	
Thr Ile Lys Thr Ala Glu Glu Phe Gly Phe His Thr Val Tyr Ala Asp	
565 570 575	

Thr Asp Gly Phe Tyr Ala Thr Tyr Arg Gly
580 585

⁵ (2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- ¹⁰ (A) LÄNGE: 1143 Aminosäuren
(B) ART: Aminosäure
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear

¹⁵

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

- ²⁰ (A) ORGANISMUS: Archaeoglobus fulgidus

²⁵ (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

³⁰ Met Asp Ala Thr Leu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Phe Glu Ser Glu Ser
1 5 10 15

Asn Glu Asp Phe Trp Arg Ile Glu Glu Ile Arg Arg Tyr His Glu Ser
20 25 30

³⁵ Leu Met Val Glu Leu Asp Arg Ile Tyr Arg Ile Ala Glu Ala Ala Arg
35 40 45

⁴⁰ Lys Lys Gly Leu Asp Pro Glu Leu Ser Val Glu Ile Pro Ile Ala Lys
50 55 60

⁴⁵ Asn Met Ala Glu Arg Val Glu Lys Leu Met Asn Leu Gln Gly Leu Ala
65 70 75 80

⁵⁰ Lys Arg Ile Met Glu Leu Glu Glu Gly Gly Leu Ser Arg Glu Leu Ile
85 90 95

Cys Phe Lys Val Ala Asp Glu Ile Val Glu Gly Lys Phe Gly Glu Met
100 105 110

⁵⁵ Pro Lys Glu Glu Ala Ile Asp Lys Ala Val Arg Thr Ala Val Ala Ile
115 120 125

⁶⁰ Met Thr Glu Gly Val Val Ala Ala Pro Ile Glu Gly Ile Ala Arg Val
130 135 140

⁶⁵

DE 198 40 771 A 1

Arg Ile Asp Arg Glu Asn Phe Leu Arg Val Tyr Tyr Ala Gly Pro Ile	
145 150 155 160	
Arg Ser Ala Gly Gly Thr Ala Gln Val Ile Ser Val Leu Val Ala Asp	5
165 170 175	
Tyr Val Arg Arg Lys Ala Glu Ile Gly Arg Tyr Val Pro Thr Glu Glu	10
180 185 190	
Glu Ile Leu Arg Tyr Cys Glu Glu Ile Pro Leu Tyr Lys Lys Val Ala	15
195 200 205	
Asn Leu Gln Tyr Leu Pro Ser Asp Glu Glu Ile Arg Leu Ile Val Ser	20
210 215 220	
Asn Cys Pro Ile Cys Ile Asp Gly Glu Pro Thr Glu Ser Ala Glu Val	25
225 230 235 240	
Ser Gly Tyr Arg Asn Leu Pro Arg Val Glu Thr Asn Arg Val Arg Gly	30
245 250 255	
Gly Met Ala Leu Val Ile Ala Glu Gly Ile Ala Leu Lys Ala Pro Lys	35
260 265 270	
Leu Lys Lys Met Val Asp Glu Val Gly Ile Glu Gly Trp Glu Trp Leu	40
275 280 285	
Asp Ala Leu Ile Lys Gly Gly Gly Asp Ser Gly Ser Glu Glu Glu Lys	45
290 295 300	
Ala Val Ile Lys Pro Lys Asp Lys Tyr Leu Ser Asp Ile Val Ala Gly	50
305 310 315 320	
Arg Pro Val Leu Ser His Pro Ser Arg Lys Gly Gly Phe Arg Leu Arg	55
325 330 335	
Tyr Gly Arg Ala Arg Asn Ser Gly Phe Ala Thr Val Gly Val Asn Pro	60
340 345 350	
Ala Thr Met Tyr Leu Leu Glu Phe Val Ala Val Gly Thr Gln Leu Lys	65
355 360 365	
Val Glu Arg Pro Gly Lys Ala Gly Gly Val Val Pro Val Ser Thr Ile	
370 375 380	
Glu Gly Pro Thr Val Arg Leu Lys Asn Gly Asp Val Val Lys Ile Asn	
385 390 395 400	

DE 198 40 771 A 1

Thr Leu Ser Glu Ala Lys Ala Leu Lys Gly Glu Val Ala Ala Ile Leu
 405 410 415
 5 Asp Leu Gly Glu Ile Leu Ile Asn Tyr Gly Asp Phe Leu Glu Asn Asn
 420 425 430
 10 His Pro Leu Ile Pro Ala Ser Tyr Thr Tyr Glu Trp Trp Ile Gln Glu
 435 440 445
 Ala Glu Lys Ala Gly Leu Arg Gly Asp Tyr Arg Lys Ile Ser Glu Glu
 15 450 455 460
 Glu Ala Leu Lys Leu Cys Asp Glu Phe His Val Pro Leu His Pro Asp
 465 470 475 480
 20 Tyr Thr Tyr Leu Trp His Asp Ile Ser Val Glu Asp Tyr Arg Tyr Leu
 485 490 495
 25 Arg Asn Phe Val Ser Asp Asn Gly Lys Ile Glu Gly Lys His Gly Lys
 500 505 510
 30 Ser Val Leu Leu Leu Pro Tyr Asp Ser Arg Val Lys Glu Ile Leu Glu
 515 520 525
 Ala Leu Leu Leu Glu His Lys Val Arg Glu Ser Phe Ile Val Ile Glu
 35 530 535 540
 Thr Trp Arg Ala Phe Ile Arg Cys Leu Gly Leu Asp Glu Lys Leu Ser
 545 550 555 560
 40 Lys Val Ser Glu Val Ser Gly Lys Asp Val Leu Glu Ile Val Asn Gly
 565 570 575
 45 Ile Ser Gly Ile Lys Val Arg Pro Lys Ala Leu Ser Arg Ile Gly Ala
 580 585 590
 Arg Met Gly Arg Pro Glu Lys Ala Lys Glu Arg Lys Met Ser Pro Pro
 50 595 600 605
 Pro His Ile Leu Phe Pro Val Gly Met Ala Gly Gly Asn Thr Arg Asp
 55 610 615 620
 Ile Lys Asn Ala Ile Asn Tyr Thr Lys Ser Tyr Asn Ala Lys Lys Gly
 625 630 635 640
 60 Glu Ile Glu Val Glu Ile Ala Ile Arg Lys Cys Pro Gln Cys Gly Lys
 645 650 655
 65

DE 198 40 771 A 1

Glu Thr Phe Trp Leu Lys Cys Asp Val Cys Gly Glu Leu Thr Glu Gln	
660 665 670	
Leu Tyr Tyr Cys Pro Ser Cys Arg Met Lys Asn Thr Ser Ser Val Cys	5
675 680 685	
Glu Ser Cys Gly Arg Glu Cys Glu Gly Tyr Met Lys Arg Lys Val Asp	10
690 695 700	
Leu Arg Glu Leu Tyr Glu Glu Ala Ile Ala Asn Leu Gly Glu Tyr Asp	15
705 710 715 720	
Ser Phe Asp Thr Ile Lys Gly Val Lys Gly Met Thr Ser Lys Thr Lys	20
725 730 735	
Ile Pro Glu Arg Leu Glu Lys Gly Ile Leu Arg Val Lys His Gly Val	25
740 745 750	
Phe Val Phe Lys Asp Gly Thr Ala Arg Phe Asp Ala Thr Asp Leu Pro	30
755 760 765	
Ile Thr His Phe Lys Pro Ala Glu Ile Gly Val Ser Val Glu Lys Leu	35
770 775 780	
Arg Glu Leu Gly Tyr Glu Arg Asp Tyr Lys Gly Ala Glu Leu Lys Asn	40
785 790 795 800	
Glu Asn Gln Ile Val Glu Leu Lys Pro Gln Asp Val Ile Leu Pro Lys	45
805 810 815	
Ser Gly Ala Glu Tyr Leu Leu Arg Val Ala Asn Phe Ile Asp Asp Leu	50
820 825 830	
Leu Val Lys Phe Tyr Lys Met Glu Pro Phe Tyr Asn Ala Lys Ser Val	55
835 840 845	
Glu Asp Leu Ile Gly His Leu Val Ile Gly Leu Ala Pro His Thr Ser	60
850 855 860	
Ala Gly Val Leu Gly Arg Ile Ile Gly Phe Ser Asp Val Leu Ala Gly	65
865 870 875 880	
Tyr Ala His Pro Tyr Phe His Ala Ala Lys Arg Arg Asn Cys Asp Gly	
885 890 895	
Asp Glu Asp Cys Phe Met Leu Leu Leu Asp Gly Leu Leu Asn Phe Ser	
900 905 910	

DE 198 40 771 A 1

Arg Lys Phe Leu Pro Asp Lys Arg Gly Gly Gln Met Asp Ala Pro Leu
915 920 925

5 Val Leu Thr Ala Ile Val Asp Pro Arg Glu Val Asp Lys Glu Val His
930 935 940

10 Asn Met Asp Ile Val Glu Arg Tyr Pro Leu Glu Phe Tyr Glu Ala Thr
945 950 955 960

15 Met Arg Phe Ala Ser Pro Lys Glu Met Glu Asp Tyr Val Glu Lys Val
965 970 975

Lys Asp Arg Leu Lys Asp Glu Ser Arg Phe Cys Gly Leu Phe Phe Thr
980 985 990

20 His Asp Thr Glu Asn Ile Ala Ala Gly Val Lys Glu Ser Ala Tyr Lys
995 1000 1005

25 Ser Leu Lys Thr Met Gln Asp Lys Val Tyr Arg Gln Met Glu Leu Ala
1010 1015 1020

30 Arg Met Ile Val Ala Val Asp Glu His Asp Val Ala Glu Arg Val Ile
1025 1030 1035 1040

35 Asn Val His Phe Leu Pro Asp Ile Ile Gly Asn Leu Arg Ala Phe Ser
1045 1050 1055

Arg Gln Glu Phe Arg Cys Thr Arg Cys Asn Thr Lys Tyr Arg Arg Ile
1060 1065 1070

40 Pro Leu Val Gly Lys Cys Leu Lys Cys Gly Asn Lys Leu Thr Leu Thr
1075 1080 1085

45 Val His Ser Ser Ser Ile Met Lys Tyr Leu Glu Leu Ser Lys Phe Leu
1090 1095 1100

50 Cys Glu Asn Phe Asn Val Ser Ser Tyr Thr Lys Gln Arg Leu Met Leu
1105 1110 1115 1120

55 Leu Glu Gln Glu Ile Lys Ser Met Phe Glu Asn Gly Thr Glu Lys Gln
1125 1130 1135

Val Ser Ile Ser Asp Phe Val
1140

60 (2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

65

(A) LÄNGE: 1139 Aminosäuren
 (B) ART: Aminosäure
 (C) STRANGFORM: Einzelstrang
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

10

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: *Methanococcus jannaschii*

15

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

Met Ile Val Met Val His Val Ala Cys Ser Glu Asn Met Lys Lys Tyr
 1 5 10 15

20

Phe Glu Asn Ile Val Asp Glu Val Lys Lys Ile Tyr Arg Ile Ala Glu
 20 25 30

25

Glu Cys Arg Lys Lys Gly Phe Asp Pro Thr Asp Glu Val Glu Ile Pro
 35 40 45

30

Leu Ala Ala Asp Met Ala Asp Arg Val Glu Gly Leu Val Gly Pro Lys
 50 55 60

35

Gly Val Ala Glu Arg Ile Arg Glu Leu Val Lys Glu Leu Gly Lys Glu
 65 70 75 80

Pro Ala Ala Leu Glu Ile Ala Lys Glu Ile Val Glu Gly Lys Phe Gly
 85 90 95

40

Asn Phe Asp Lys Glu Lys Lys Ala Glu Gln Ala Val Arg Thr Ala Leu
 100 105 110

45

Ala Val Leu Thr Glu Gly Ile Val Ala Ala Pro Leu Glu Gly Ile Ala
 115 120 125

50

Asp Val Lys Ile Lys Lys Asn Pro Asp Gly Thr Glu Tyr Leu Ala Ile
 130 135 140

55

Tyr Tyr Ala Gly Pro Ile Arg Ser Ala Gly Gly Thr Ala Gln Ala Leu
 145 150 155 160

Ser Val Leu Val Gly Asp Phe Val Arg Lys Ala Met Gly Leu Asp Arg
 165 170 175

60

65

DE 198 40 771 A 1

Tyr Lys Pro Thr Glu Asp Glu Ile Glu Arg Tyr Val Glu Glu Val Glu
 180 185 190
 5 Leu Tyr Gln Ser Glu Val Gly Ser Phe Gln Tyr Asn Pro Thr Ala Asp
 195 200 205
 10 Glu Ile Arg Thr Ala Ile Arg Asn Ile Pro Ile Glu Ile Thr Gly Glu
 210 215 220
 Ala Thr Asp Asp Val Glu Val Ser Gly His Arg Asp Leu Pro Arg Val
 15 225 230 235 240
 Glu Thr Asn Gln Leu Arg Gly Gly Ala Leu Leu Val Leu Val Glu Gly
 245 250 255
 20 Val Leu Leu Lys Ala Pro Lys Ile Leu Arg His Val Asp Lys Leu Gly
 260 265 270
 25 Ile Glu Gly Trp Asp Trp Leu Lys Asp Leu Met Ser Lys Lys Glu Glu
 275 280 285
 30 Lys Glu Glu Glu Lys Asp Glu Lys Val Asp Asp Glu Glu Ile Asp Glu
 290 295 300
 Glu Glu Glu Glu Ile Ser Gly Tyr Trp Arg Asp Val Lys Ile Glu Ala
 35 305 310 315 320
 Asn Lys Lys Phe Ile Ser Glu Val Ile Ala Gly Arg Pro Val Phe Ala
 325 330 335
 40 His Pro Ser Lys Val Gly Gly Phe Arg Leu Arg Tyr Gly Arg Ser Arg
 340 345 350
 45 Asn Thr Gly Phe Ala Thr Gln Gly Phe His Pro Ala Leu Met Tyr Leu
 355 360 365
 Val Asp Glu Phe Met Ala Val Gly Thr Gln Leu Lys Thr Glu Arg Pro
 50 370 375 380
 Gly Lys Ala Thr Cys Val Val Pro Val Asp Ser Ile Glu Pro Pro Ile
 55 385 390 395 400
 Val Lys Leu Lys Asn Gly Asp Val Ile Arg Val Asp Thr Ile Glu Lys
 405 410 415
 60 Ala Met Asp Val Arg Asn Arg Val Glu Glu Ile Leu Phe Leu Gly Asp
 420 425 430
 65

DE 198 40 771 A 1

Val Leu Val Asn Tyr Gly Asp Phe Leu Glu Asn Asn His Pro Leu Leu

435 440 445

Pro Ser Cys Trp Cys Glu Glu Trp Tyr Glu Lys Ile Leu Ile Ala Asn

450 455 460

Asn Ile Glu Tyr Asp Lys Asp Phe Ile Lys Asn Pro Lys Pro Glu Glu

465 470 475 480

Ala Val Lys Phe Ala Leu Glu Thr Lys Thr Pro Leu His Pro Arg Phe

485 490 495

Thr Tyr His Trp His Asp Val Ser Lys Glu Asp Ile Ile Leu Leu Arg

500 505 510

Asn Trp Leu Leu Lys Gly Lys Glu Asp Ser Leu Glu Gly Lys Lys Val

515 520 525

Trp Ile Val Asp Leu Glu Ile Glu Glu Asp Lys Lys Ala Lys Arg Ile

530 535 540

Leu Glu Leu Ile Gly Cys Cys His Leu Val Arg Asn Lys Lys Val Ile

545 550 555 560

Ile Glu Glu Tyr Tyr Pro Leu Leu Tyr Ser Leu Gly Phe Asp Val Glu

565 570 575

Asn Lys Lys Asp Leu Val Glu Asn Ile Glu Lys Ile Leu Glu Ser Ala

580 585 590

Lys Asn Ser Met His Leu Ile Asn Leu Leu Ala Pro Phe Glu Val Arg

595 600 605

Arg Asn Thr Tyr Val Tyr Val Gly Ala Arg Met Gly Arg Pro Glu Lys

610 615 620

Ala Ala Pro Arg Lys Met Lys Pro Pro Val Asn Gly Leu Phe Pro Ile

625 630 635 640

Gly Asn Ala Gly Gly Gln Val Arg Leu Ile Asn Lys Ala Val Glu Glu

645 650 655

Asn Asn Thr Asp Asp Val Asp Val Ser Tyr Thr Arg Cys Pro Asn Cys

660 665 670

Gly Lys Ile Ser Leu Tyr Arg Val Cys Pro Phe Cys Gly Thr Lys Val

675 680 685

DE 198 40 771 A 1

Glu Leu Asp Asn Phe Gly Arg Ile Lys Ala Pro Leu Lys Asp Tyr Trp
 690 695 700

⁵ Tyr Ala Ala Leu Lys Arg Leu Gly Ile Asn Lys Pro Gly Asp Val Lys
 705 710 715 720

¹⁰ Cys Ile Lys Gly Met Thr Ser Lys Gln Lys Ile Val Glu Pro Leu Glu
 725 730 735

¹⁵ Lys Ala Ile Leu Arg Ala Ile Asn Glu Val Tyr Val Phe Lys Asp Gly
 740 745 750

Thr Thr Arg Phe Asp Cys Thr Asp Val Pro Val Thr His Phe Lys Pro
 755 760 765

²⁰ Asn Glu Ile Asn Val Thr Val Glu Lys Leu Arg Glu Leu Gly Tyr Asp
 770 775 780

²⁵ Lys Asp Ile Tyr Gly Asn Glu Leu Val Asp Gly Glu Gln Val Val Glu
 785 790 795 800

³⁰ Leu Lys Pro Gln Asp Val Ile Ile Pro Glu Ser Cys Ala Glu Tyr Phe
 805 810 815

³⁵ Val Lys Val Ala Asn Phe Ile Asp Asp Leu Leu Glu Lys Phe Tyr Lys
 820 825 830

Val Glu Arg Phe Tyr Asn Val Lys Lys Lys Glu Asp Leu Ile Gly His
 835 840 845

⁴⁰ Leu Val Ile Gly Met Ala Pro His Thr Ser Ala Gly Met Val Gly Arg
 850 855 860

⁴⁵ Ile Ile Gly Tyr Thr Lys Ala Asn Val Gly Tyr Ala His Pro Tyr Phe
 865 870 875 880

⁵⁰ His Ala Ala Lys Arg Arg Asn Cys Asp Gly Asp Glu Asp Ser Phe Phe
 885 890 895

⁵⁵ Leu Leu Leu Asp Ala Phe Leu Asn Phe Ser Lys Lys Phe Leu Pro Asp
 900 905 910

Lys Arg Gly Gly Gln Met Asp Ala Pro Leu Val Leu Thr Thr Ile Leu
 915 920 925

⁶⁰ Asp Pro Lys Glu Val Asp Gly Glu Val His Asn Met Asp Thr Met Trp
 930 935 940

⁶⁵

DE 198 40 771 A 1

Ser Tyr Pro Leu Glu Phe Tyr Glu Lys Thr Leu Glu Met Pro Ser Pro
945 950 955 960

Lys Glu Val Lys Glu Phe Met Glu Thr Val Glu Asp Arg Leu Gly Lys
965 970 975

Pro Glu Gln Tyr Glu Gly Ile Gly Tyr Thr His Glu Thr Ser Arg Ile
980 985 990

Asp Leu Gly Pro Lys Val Cys Ala Tyr Lys Thr Leu Gly Ser Met Leu
995 1000 1005

Glu Lys Thr Thr Ser Gln Leu Ser Val Ala Lys Lys Ile Arg Ala Thr
1010 1015 1020

Asp Glu Arg Asp Val Ala Glu Lys Val Ile Gln Ser His Phe Ile Pro
1025 1030 1035 1040

Asp Leu Ile Gly Asn Leu Arg Ala Phe Ser Arg Gln Ala Val Arg Cys
1045 1050 1055

Lys Cys Gly Ala Lys Tyr Arg Arg Ile Pro Leu Lys Gly Lys Cys Pro
1060 1065 1070

Lys Cys Gly Ser Asn Leu Ile Leu Thr Val Ser Lys Gly Ala Val Glu
1075 1080 1085

Lys Tyr Met Asp Val Ala Glu Lys Met Ala Glu Glu Tyr Asn Val Asn
1090 1095 1100

Asp Tyr Ile Lys Gln Arg Leu Lys Ile Ile Lys Glu Gly Ile Asn Ser
1105 1110 1115 1120

Ile Phe Glu Asn Glu Lys Ser Arg Gln Val Lys Leu Ser Asp Phe Phe
1125 1130 1135

Lys Ile Gly

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 1434 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: *Pyrococcus horikoshii*

5

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

10

Met Val Leu Met Glu Leu Pro Lys Glu Met Glu Glu Tyr Phe Ser Met
 1 5 10 15

15

Leu Gln Arg Glu Ile Asp Lys Ala Tyr Glu Ile Ala Lys Lys Ala Arg
 20 25 30

20

Ala Gln Gly Lys Asp Pro Ser Leu Asp Val Glu Ile Pro Gln Ala Ser
 35 40 45

25

Asp Met Ala Gly Arg Val Glu Ser Leu Val Gly Pro Pro Gly Val Ala
 50 55 60

Glu Arg Ile Arg Glu Leu Val Lys Glu Tyr Gly Lys Glu Ile Ala Ala
 65 70 75 80

30

Leu Lys Ile Val Asp Glu Ile Ile Asp Gly Lys Phe Gly Asp Leu Gly
 85 90 95

35

Ser Lys Glu Lys Tyr Ala Glu Gln Ala Val Arg Thr Ala Leu Ala Ile
 100 105 110

40

Leu Thr Glu Gly Val Val Ser Ala Pro Ile Glu Gly Ile Ala Ser Val
 115 120 125

Lys Ile Lys Arg Asn Thr Trp Ser Asp Asn Ser Glu Tyr Leu Ala Leu
 130 135 140

45

Tyr Tyr Ala Gly Pro Ile Arg Ser Ser Gly Gly Thr Ala Gln Ala Leu
 145 150 155 160

50

Ser Val Leu Val Gly Asp Tyr Val Arg Arg Lys Leu Gly Leu Asp Arg
 165 170 175

55

Phe Lys Pro Ser Glu Lys His Ile Glu Arg Met Val Glu Glu Val Asp
 180 185 190

60

Leu Tyr His Arg Thr Val Ser Arg Leu Gln Tyr His Pro Ser Pro Glu
 195 200 205

Glu Val Arg Leu Ala Met Arg Asn Ile Pro Ile Glu Ile Thr Gly Glu
 210 215 220

65

DE 198 40 771 A 1

Ala Thr Asp Glu Val Glu Val Ser His Arg Asp Ile Pro Gly Val Glu	
225 230 235 240	
Thr Asn Gln Leu Arg Gly Gly Ala Ile Leu Val Leu Ala Glu Gly Val	5
245 250 255	
Leu Gln Lys Ala Lys Lys Leu Val Lys Tyr Ile Asp Lys Met Gly Ile	10
260 265 270	
Glu Gly Trp Glu Trp Leu Lys Glu Phe Val Glu Ala Lys Glu Lys Gly	15
275 280 285	
Glu Glu Ile Glu Glu Glu Gly Ser Ala Glu Ser Thr Val Glu Glu Thr	20
290 295 300	
Lys Val Glu Val Asp Met Gly Phe Tyr Tyr Ser Leu Tyr Gln Lys Phe	
305 310 315 320	
Lys Ser Glu Ile Ala Pro Asn Asp Lys Tyr Ala Lys Glu Ile Ile Gly	25
325 330 335	
Gly Arg Pro Leu Phe Ser Asp Pro Ser Arg Asn Gly Gly Phe Arg Leu	30
340 345 350	
Arg Tyr Gly Arg Ser Arg Val Ser Gly Phe Ala Thr Trp Gly Ile Asn	35
355 360 365	
Pro Ala Thr Met Ile Leu Val Asp Glu Phe Leu Ala Ile Gly Thr Gln	40
370 375 380	
Leu Lys Thr Glu Arg Pro Gly Lys Gly Ala Val Val Thr Pro Val Thr	
385 390 395 400	
Thr Ile Glu Gly Pro Ile Val Lys Leu Lys Asp Gly Ser Val Val Lys	45
405 410 415	
Val Asp Asp Tyr Lys Leu Ala Leu Lys Ile Arg Asp Glu Val Glu Glu	50
420 425 430	
Ile Leu Tyr Leu Gly Asp Ala Val Ile Ala Phe Gly Asp Phe Val Glu	55
435 440 445	
Asn Asn Gln Thr Leu Leu Pro Ala Asn Tyr Cys Glu Glu Trp Trp Ile	60
450 455 460	
Leu Glu Phe Thr Lys Ala Leu Asn Glu Ile Tyr Glu Val Glu Leu Lys	
465 470 475 480	
	65

DE 198 40 771 A 1

Pro Phe Glu Val Asn Ser Ser Glu Asp Leu Glu Glu Ala Ala Asp Tyr
485 490 495

⁵ Leu Glu Val Asp Ile Glu Phe Leu Lys Glu Leu Leu Lys Asp Pro Leu
500 505 510

¹⁰ Arg Thr Lys Pro Pro Val Glu Leu Ala Ile His Phe Ser Glu Ile Leu
515 520 525

Gly Ile Pro Leu His Pro Tyr Tyr Thr Leu Tyr Trp Asn Ser Val Lys
¹⁵ 530 535 540

Pro Glu Gln Val Glu Lys Leu Trp Arg Val Leu Lys Glu His Ala His
545 550 555 560

²⁰ Ile Asp Trp Asp Asn Phe Arg Gly Ile Lys Phe Ala Arg Arg Ile Val
565 570 575

²⁵ Ile Pro Leu Glu Lys Leu Arg Asp Ser Lys Arg Ala Leu Glu Leu Leu
580 585 590

³⁰ Gly Leu Pro His Lys Val Glu Gly Lys Asn Val Ile Val Asp Tyr Pro
595 600 605

Trp Ala Ala Ala Leu Leu Thr Pro Leu Gly Asn Leu Glu Trp Glu Phe
³⁵ 610 615 620

Arg Ala Lys Pro Leu His Thr Thr Ile Asp Ile Ile Asn Glu Asn Asn
625 630 635 640

⁴⁰ Glu Ile Lys Leu Arg Asp Arg Gly Ile Ser Trp Ile Gly Ala Arg Met
645 650 655

⁴⁵ Gly Arg Pro Glu Lys Ala Lys Glu Arg Lys Met Lys Pro Pro Val Gln
660 665 670

Val Leu Phe Pro Ile Gly Leu Ala Gly Gly Ser Ser Arg Asp Ile Lys
⁵⁰ 675 680 685

Lys Ala Ala Glu Glu Gly Lys Val Ala Glu Val Glu Ile Ala Leu Phe
⁵⁵ 690 695 700

Lys Cys Pro Lys Cys Gly His Val Gly Pro Glu His Ile Cys Pro Asn
705 710 715 720

⁶⁰ Cys Gly Thr Arg Lys Glu Leu Ile Trp Val Cys Pro Arg Cys Asn Ala
725 730 735

⁶⁵

DE 198 40 771 A 1

Glu Tyr Pro Glu Ser Gln Ala Ser Gly Tyr Asn Tyr Thr Cys Pro Lys	
740 745 750	
Cys Asn Val Lys Leu Lys Pro Tyr Ala Lys Arg Lys Ile Lys Pro Ser	5
755 760 765	
Glu Leu Leu Lys Arg Ala Met Asp Asn Val Lys Val Tyr Gly Ile Asp	10
770 775 780	
Lys Leu Lys Gly Val Met Gly Met Thr Ser Gly Trp Lys Met Pro Glu	15
785 790 795 800	
Pro Leu Glu Lys Gly Leu Leu Arg Ala Lys Asn Asp Val Tyr Val Phe	20
805 810 815	
Lys Asp Gly Thr Ile Arg Phe Asp Ala Thr Asp Ala Pro Ile Thr His	25
820 825 830	
Phe Arg Pro Arg Glu Ile Gly Val Ser Val Glu Lys Leu Arg Glu Leu	30
835 840 845	
Gly Tyr Thr His Asp Phe Glu Gly Asn Pro Leu Val Ser Glu Asp Gln	35
850 855 860	
Ile Val Glu Leu Lys Pro Gln Asp Ile Ile Leu Ser Lys Glu Ala Gly	40
865 870 875 880	
Lys Tyr Leu Leu Lys Val Ala Lys Phe Val Asp Asp Leu Leu Glu Lys	45
885 890 895	
Phe Tyr Gly Leu Pro Arg Phe Tyr Asn Ala Glu Lys Met Glu Asp Leu	50
900 905 910	
Ile Gly His Leu Val Ile Gly Leu Ala Pro His Thr Ser Ala Gly Ile	55
915 920 925	
Val Gly Arg Ile Ile Gly Phe Val Asp Ala Leu Val Gly Tyr Ala His	60
930 935 940	
Pro Tyr Phe His Ala Ala Lys Arg Arg Asn Cys Phe Pro Gly Asp Thr	65
945 950 955 960	
Arg Ile Leu Val Gln Ile Asn Gly Thr Pro Gln Arg Val Thr Leu Lys	
965 970 975	
Glu Leu Tyr Glu Leu Phe Asp Glu Glu His Tyr Glu Ser Met Val Tyr	
980 985 990	

DE 198 40 771 A 1

Val Arg Lys Lys Pro Lys Val Asp Ile Lys Val Tyr Ser Phe Asn Pro
995 1000 1005

5 Glu Glu Gly Lys Val Val Leu Thr Asp Ile Glu Glu Val Ile Lys Ala
1010 1015 1020

10 Pro Ala Thr Asp His Leu Ile Arg Phe Glu Leu Glu Leu Gly Ser Ser
1025 1030 1035 1040

Phe Glu Thr Thr Val Asp His Pro Val Leu Val Tyr Glu Asn Gly Lys
15 1045 1050 1055

Phe Val Glu Lys Arg Ala Phe Glu Val Arg Glu Gly Asn Ile Ile Ile
1060 1065 1070

20 Ile Ile Asp Glu Ser Thr Leu Glu Pro Leu Lys Val Ala Val Lys Lys
1075 1080 1085

25 Ile Glu Phe Ile Glu Pro Pro Glu Asp Phe Val Phe Ser Leu Asn Ala
1090 1095 1100

30 Lys Lys Tyr His Thr Val Ile Ile Asn Glu Asn Ile Val Thr His Gln
1105 1110 1115 1120

Cys Asp Gly Asp Glu Asp Ala Val Met Leu Leu Leu Asp Ala Leu Leu
35 1125 1130 1135

Asn Phe Ser Arg Tyr Tyr Leu Pro Glu Lys Arg Gly Gly Lys Met Asp
1140 1145 1150

40 Ala Pro Leu Val Ile Thr Thr Arg Leu Asp Pro Arg Glu Val Asp Ser
1155 1160 1165

45 Glu Val His Asn Met Asp Ile Val Arg Tyr Tyr Pro Leu Glu Phe Tyr
1170 1175 1180

Glu Ala Thr Tyr Glu Leu Lys Ser Pro Lys Glu Leu Val Gly Val Ile
50 1185 1190 1195 1200

Glu Arg Val Glu Asp Arg Leu Gly Lys Pro Glu Met Tyr Tyr Gly Leu
55 1205 1210 1215

Lys Phe Thr His Asp Thr Asp Asp Ile Ala Leu Gly Pro Lys Met Ser
1220 1225 1230

60 Leu Tyr Lys Gln Leu Gly Asp Met Glu Glu Lys Val Lys Arg Gln Leu
1235 1240 1245

65

DE 198 40 771 A 1

Asp Val Ala Arg Arg Ile Arg Ala Val Asp Glu His Lys Val Ala Glu
1250 1255 1260

Thr Ile Leu Asn Ser His Leu Ile Pro Asp Leu Arg Gly Asn Leu Arg
1265 1270 1275 1280

Ser Phe Thr Arg Gln Glu Phe Arg Cys Val Lys Cys Asn Thr Lys Phe
1285 1290 1295

Arg Arg Pro Pro Leu Asp Gly Lys Cys Pro Ile Cys Gly Gly Lys Ile
1300 1305 1310

Val Leu Thr Val Ser Lys Gly Ala Ile Glu Lys Tyr Leu Gly Thr Ala
1315 1320 1325

Lys Met Leu Val Thr Glu Tyr Lys Val Lys Asn Tyr Thr Arg Gln Arg
1330 1335 1340

Ile Cys Leu Thr Glu Arg Asp Ile Asp Ser Leu Phe Glu Thr Val Phe
1345 1350 1355 1360

Pro Glu Thr Gln Leu Thr Leu Leu Val Asn Pro Asn Asp Ile Cys Gln
1365 1370 1375

Arg Ile Ile Met Glu Arg Thr Gly Gly Ser Lys Lys Ser Gly Leu Leu
1380 1385 1390

Glu Asn Phe Ala Asn Gly Tyr Asn Lys Gly Lys Lys Glu Glu Met Pro
1395 1400 1405

Lys Lys Gln Arg Lys Lys Glu Gln Glu Lys Ser Lys Lys Arg Lys Val
1410 1415 1420

Ile Ser Leu Asp Asp Phe Phe Ser Arg Lys
1425 1430

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 1092 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: Methanobacterium thermoautotrophicum

DE 198 40 771 A 1

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

5 Met Met Asp Tyr Phe Asn Glu Leu Glu Arg Glu Thr Glu Arg Leu Tyr
1 5 10 15

10 Glu Ile Ala Arg Lys Ala Arg Ala Arg Gly Leu Asp Val Ser Thr Thr
20 25 30

15 Pro Glu Ile Pro Leu Ala Lys Asp Leu Ala Glu Arg Val Glu Gly Leu
35 40 45

20 Val Gly Pro Glu Gly Ile Ala Arg Arg Ile Lys Glu Leu Glu Gly Asp
50 55 60

25 Arg Gly Arg Glu Glu Val Ala Phe Gln Ile Ala Ala Glu Ile Ala Ser
65 70 75 80

30 Gln Ala Val Pro Asp Asp Asp Pro Glu Glu Arg Glu Lys Leu Ala Asp
85 90 95

35 Gln Ala Leu Arg Thr Ala Leu Ala Ile Leu Thr Glu Gly Val Val Ala
100 105 110

40 Ala Pro Leu Glu Gly Ile Ala Arg Val Arg Ile Lys Glu Asn Phe Asp
115 120 125

45 Lys Ser Arg Tyr Leu Ala Val Tyr Phe Ala Gly Pro Ile Arg Ser Ala
130 135 140

50 Gly Gly Thr Ala Ala Ala Leu Ser Val Leu Ile Ala Asp Tyr Ile Arg
145 150 155 160

55 Leu Ala Val Gly Leu Asp Arg Tyr Lys Pro Val Glu Arg Glu Ile Glu
165 170 175

60 Arg Tyr Val Glu Glu Val Glu Leu Tyr Glu Ser Glu Val Thr Asn Leu
180 185 190

65 Gln Tyr Ser Pro Lys Pro Asp Glu Val Arg Leu Ala Ala Ser Lys Ile
195 200 205

70 Pro Val Glu Val Thr Gly Glu Pro Thr Asp Lys Val Glu Val Ser His
210 215 220

75 Arg Asp Leu Glu Arg Val Glu Thr Asn Asn Ile Arg Gly Gly Ala Leu
225 230 235 240

DE 198 40 771 A 1

Leu Ala Met Val Glu Gly Val Ile Gln Lys Ala Pro Lys Val Leu Lys	
245 250 255	
Tyr Ala Lys Gln Leu Lys Leu Glu Gly Trp Asp Trp Leu Glu Lys Phe	5
260 265 270	
Ser Lys Ala Pro Lys Lys Gly Glu Gly Glu Glu Lys Val Val Val Lys	10
275 280 285	
Ala Asp Ser Lys Tyr Val Glu Asp Ile Ile Gly Gly Arg Pro Val Leu	15
290 295 300	
Ala Tyr Pro Ser Glu Lys Gly Ala Phe Arg Leu Arg Tyr Gly Arg Ala	20
305 310 315 320	
Arg Asn Thr Gly Leu Ala Ala Met Gly Val His Pro Ala Thr Met Glu	25
325 330 335	
Leu Leu Gln Phe Leu Ala Val Gly Thr Gln Met Lys Ile Glu Arg Pro	30
340 345 350	
Gly Lys Gly Asn Cys Val Val Pro Val Asp Thr Ile Asp Gly Pro Val	35
355 360 365	
Val Lys Leu Arg Asn Gly Asp Val Ile Arg Ile Glu Asp Ala Glu Thr	40
370 375 380	
Ala Ser Arg Val Arg Ser Glu Val Glu Glu Ile Leu Phe Leu Gly Asp	45
385 390 395 400	
Met Leu Val Ala Phe Gly Glu Phe Leu Arg Asn Asn His Val Leu Met	50
405 410 415	
Pro Ala Gly Trp Cys Glu Glu Trp Trp Ile Gln Thr Ile Leu Ser Ser	55
420 425 430	
Pro Lys Tyr Pro Gly Asp Asp Pro Leu Asn Leu Ser Tyr Tyr Arg Thr	60
435 440 445	
Arg Trp Asn Glu Leu Glu Val Ser Ala Gly Asp Ala Phe Arg Ile Ser	65
450 455 460	
Glu Glu Tyr Asp Val Pro Leu His Pro Arg Tyr Thr Tyr Phe Tyr His	
465 470 475 480	
Asp Val Thr Val Arg Glu Leu Asn Met Leu Arg Glu Trp Leu Asn Thr	
485 490 495	

DE 198 40 771 A 1

Ser Gln Leu Glu Asp Glu Leu Val Leu Glu Leu Arg Pro Glu Lys Arg
 500 505 510

5 Ile Leu Glu Ile Leu Gly Val Pro His Arg Val Lys Asp Ser Arg Val
 515 520 525

10 Val Ile Gly His Asp Asp Ala His Ala Leu Ile Lys Thr Leu Arg Lys
 530 535 540

15 Pro Leu Glu Asp Ser Ser Asp Thr Val Glu Ala Leu Asn Arg Val Ser
 545 550 555 560

20 Pro Val Arg Ile Met Lys Lys Ala Pro Thr Tyr Ile Gly Thr Arg Val
 565 570 575

25 Gly Arg Pro Glu Lys Thr Lys Glu Arg Lys Met Arg Pro Ala Pro His
 580 585 590

30 Val Leu Phe Pro Ile Gly Lys Tyr Gly Gly Ser Arg Arg Asn Ile Pro
 595 600 605

35 Asp Ala Ala Lys Lys Gly Ser Ile Thr Val Glu Ile Gly Arg Ala Thr
 610 615 620

40 Cys Pro Ser Cys Arg Val Ser Ser Met Gln Ser Ile Cys Pro Ser Cys
 625 630 635 640

45 Gly Ser Arg Thr Val Ile Gly Glu Pro Gly Lys Arg Asn Ile Asn Leu
 645 650 655

50 Ala Ala Leu Leu Lys Arg Ala Ala Glu Asn Val Ser Val Arg Lys Leu
 660 665 670

55 Asp Glu Ile Lys Gly Val Glu Gly Met Ile Ser Ala Glu Lys Phe Pro
 675 680 685

60 Glu Pro Leu Glu Lys Gly Ile Leu Arg Ala Lys Asn Asp Val Tyr Thr
 690 695 700

65 Phe Lys Asp Ala Thr Ile Arg His Asp Ser Thr Asp Leu Pro Leu Thr
 705 710 715 720

70 His Phe Thr Pro Arg Glu Val Gly Val Ser Val Glu Arg Leu Arg Glu
 725 730 735

75 Leu Gly Tyr Thr Arg Asp Cys Tyr Gly Asp Glu Leu Glu Asp Glu Asp
 740 745 750

DE 198 40 771 A 1

Gln Ile Leu Glu Leu Arg Val Gln Asp Val Val Ile Ser Glu Asp Cys	
755 760 765	
Ala Asp Tyr Leu Val Arg Val Ala Asn Phe Val Asp Asp Leu Leu Glu	5
770 775 780	
Arg Phe Tyr Asp Leu Glu Arg Phe Tyr Asn Val Lys Thr Arg Glu Asp	10
785 790 795 800	
Leu Val Gly His Leu Ile Ala Gly Leu Ala Pro His Thr Ser Ala Ala	15
805 810 815	
Val Leu Gly Arg Ile Ile Gly Phe Thr Gly Ala Ser Ala Cys Tyr Ala	20
820 825 830	
His Pro Tyr Phe His Ser Ala Lys Arg Arg Asn Cys Asp Ser Asp Glu	
835 840 845	
Asp Ser Val Met Leu Leu Leu Asp Ala Leu Leu Asn Phe Ser Lys Ser	25
850 855 860	
Tyr Leu Pro Ser Ser Arg Gly Gly Ser Met Asp Ala Pro Leu Val Leu	30
865 870 875 880	
Ser Thr Arg Ile Asp Pro Glu Glu Ile Asp Asp Glu Ser His Asn Ile	35
885 890 895	
Asp Thr Met Asp Met Ile Pro Leu Glu Val Tyr Glu Arg Ser Phe Asp	40
900 905 910	
His Pro Arg Pro Ser Glu Val Leu Asp Val Ile Asp Asn Val Glu Lys	
915 920 925	
Arg Leu Gly Lys Pro Glu Gln Tyr Thr Gly Leu Met Phe Ser His Asn	45
930 935 940	
Thr Ser Arg Ile Asp Glu Gly Pro Lys Val Cys Leu Tyr Lys Leu Leu	50
945 950 955 960	
Pro Thr Met Lys Glu Lys Val Glu Ser Gln Ile Thr Leu Ala Glu Lys	55
965 970 975	
Ile Arg Ala Val Asp Gln Arg Ser Val Val Glu Gly Val Leu Met Ser	60
980 985 990	
His Phe Leu Pro Asp Met Met Gly Asn Ile Arg Ala Phe Ser Arg Gln	
995 1000 1005	
	65

DE 198 40 771 A 1

Lys Val Arg Cys Thr Lys Cys Asn Arg Lys Tyr Arg Arg Ile Pro Leu
1010 1015 1020

5 Ser Gly Glu Cys Arg Cys Gly Gly Asn Leu Val Leu Thr Val Ser Lys
1025 1030 1035 1040

10 Gly Ser Val Ile Lys Tyr Leu Glu Ile Ser Lys Glu Leu Ala Ser Arg
1045 1050 1055

15 Tyr Pro Ile Asp Pro Tyr Leu Met Gln Arg Ile Glu Ile Leu Glu Tyr
1060 1065 1070

Gly Val Asn Ser Leu Phe Glu Ser Asp Arg Ser Lys Gln Ser Ser Leu
1075 1080 1085

20 Asp Val Phe Leu
1090

25 (2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

30 (A) LÄNGE: 1263 Aminosäuren
(B) ART: Aminosäure
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: Pyrococcus furiosus

45 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

Met Glu Leu Pro Lys Glu Ile Glu Glu Tyr Phe Glu Met Leu Gln Arg
1 5 10 15

50 Glu Ile Asp Lys Ala Tyr Glu Ile Ala Lys Lys Ala Arg Ser Gln Gly
20 25 30

55 Lys Asp Pro Ser Thr Asp Val Glu Ile Pro Gln Ala Thr Asp Met Ala
35 40 45

60 Gly Arg Val Glu Ser Leu Val Gly Pro Pro Gly Val Ala Gln Arg Ile
50 55 60

65

DE 198 40 771 A 1

Arg Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Asp Lys Glu Ile Val Ala Leu Lys Ile	
65 70 75 80	
Val Asp Glu Ile Ile Glu Gly Lys Phe Gly Asp Phe Gly Ser Lys Glu	5
85 90 95	
Lys Tyr Ala Glu Gln Ala Val Arg Thr Ala Leu Ala Ile Leu Thr Glu	10
100 105 110	
Gly Ile Val Ser Ala Pro Leu Glu Gly Ile Ala Asp Val Lys Ile Lys	15
115 120 125	
Arg Asn Thr Trp Ala Asp Asn Ser Glu Tyr Leu Ala Leu Tyr Tyr Ala	20
130 135 140	
Gly Pro Ile Arg Ser Ser Gly Gly Thr Ala Gln Ala Leu Ser Val Leu	
145 150 155 160	
Val Gly Asp Tyr Val Arg Arg Lys Leu Gly Leu Asp Arg Phe Lys Pro	25
165 170 175	
Ser Gly Lys His Ile Glu Arg Met Val Glu Glu Val Asp Leu Tyr His	30
180 185 190	
Arg Ala Val Ser Arg Leu Gln Tyr His Pro Ser Pro Asp Glu Val Arg	35
195 200 205	
Leu Ala Met Arg Asn Ile Pro Ile Glu Ile Thr Gly Glu Ala Thr Asp	
210 215 220	
Asp Val Glu Val Ser His Arg Asp Val Glu Gly Val Glu Thr Asn Gln	40
225 230 235 240	
Leu Arg Gly Gly Ala Ile Leu Val Leu Ala Glu Gly Val Leu Gln Lys	45
245 250 255	
Ala Lys Lys Leu Val Lys Tyr Ile Asp Lys Met Gly Ile Asp Gly Trp	50
260 265 270	
Glu Trp Leu Lys Glu Phe Val Glu Ala Lys Glu Lys Gly Glu Glu Ile	55
275 280 285	
Glu Glu Ser Glu Ser Lys Ala Glu Glu Ser Lys Val Glu Thr Arg Val	
290 295 300	
Glu Val Glu Lys Gly Phe Tyr Tyr Lys Leu Tyr Glu Lys Phe Arg Ala	60
305 310 315 320	
	65

DE 198 40 771 A 1

Glu Ile Ala Pro Ser Glu Lys Tyr Ala Lys Glu Ile Ile Gly Gly Arg
 325 330 335
 5 Pro Leu Phe Ala Gly Pro Ser Glu Asn Gly Gly Phe Arg Leu Arg Tyr
 340 345 350
 10 Gly Arg Ser Arg Val Ser Gly Phe Ala Thr Trp Ser Ile Asn Pro Ala
 355 360 365
 Thr Met Val Leu Val Asp Glu Phe Leu Ala Ile Gly Thr Gln Met Lys
 15 370 375 380
 Thr Glu Arg Pro Gly Lys Gly Ala Val Val Thr Pro Ala Thr Thr Ala
 385 390 395 400
 20 Glu Gly Pro Ile Val Lys Leu Lys Asp Gly Ser Val Val Arg Val Asp
 405 410 415
 25 Asp Tyr Asn Leu Ala Leu Lys Ile Arg Asp Glu Val Glu Glu Ile Leu
 420 425 430
 Tyr Leu Gly Asp Ala Ile Ile Ala Phe Gly Asp Phe Val Glu Asn Asn
 30 435 440 445
 Gln Thr Leu Leu Pro Ala Asn Tyr Val Glu Glu Trp Trp Ile Gln Glu
 35 450 455 460
 Phe Val Lys Ala Val Asn Glu Ala Tyr Glu Val Glu Leu Arg Pro Phe
 465 470 475 480
 40 Glu Glu Asn Pro Arg Glu Ser Val Glu Glu Ala Ala Glu Tyr Leu Glu
 485 490 495
 45 Val Asp Pro Glu Phe Leu Ala Lys Met Leu Tyr Asp Pro Leu Arg Val
 500 505 510
 Lys Pro Pro Val Glu Leu Ala Ile His Phe Ser Glu Ile Leu Glu Ile
 50 515 520 525
 Pro Leu His Pro Tyr Tyr Thr Leu Tyr Trp Asn Thr Val Asn Pro Lys
 55 530 535 540
 Asp Val Glu Arg Leu Trp Gly Val Leu Lys Asp Lys Ala Thr Ile Glu
 545 550 555 560
 60 Trp Gly Thr Phe Arg Gly Ile Lys Phe Ala Lys Lys Ile Glu Ile Ser
 565 570 575

65

DE 198 40 771 A 1

Leu Asp Asp Leu Gly Ser Leu Lys Arg Thr Leu Glu Leu Leu Gly Leu	
580 585 590	
Pro His Thr Val Arg Glu Gly Ile Val Val Val Asp Tyr Pro Trp Ser	5
595 600 605	
Ala Ala Leu Leu Thr Pro Leu Gly Asn Leu Glu Trp Glu Phe Lys Ala	10
610 615 620	
Lys Pro Phe Tyr Thr Val Ile Asp Ile Ile Asn Glu Asn Asn Gln Ile	15
625 630 635 640	
Lys Leu Arg Asp Arg Gly Ile Ser Trp Ile Gly Ala Arg Met Gly Arg	20
645 650 655	
Pro Glu Lys Ala Lys Glu Arg Lys Met Lys Pro Pro Val Gln Val Leu	25
660 665 670	
Phe Pro Ile Gly Leu Ala Gly Gly Ser Ser Arg Asp Ile Lys Lys Ala	30
675 680 685	
Ala Glu Glu Gly Lys Ile Ala Glu Val Glu Ile Ala Phe Phe Lys Cys	35
690 695 700	
Pro Lys Cys Gly His Val Gly Pro Glu Thr Leu Cys Pro Glu Cys Gly	40
705 710 715 720	
Ile Arg Lys Glu Leu Ile Trp Thr Cys Pro Lys Cys Gly Ala Glu Tyr	45
725 730 735	
Thr Asn Ser Gln Ala Glu Gly Tyr Ser Tyr Ser Cys Pro Lys Cys Asn	50
740 745 750	
Val Lys Leu Lys Pro Phe Thr Lys Arg Lys Ile Lys Pro Ser Glu Leu	55
755 760 765	
Leu Asn Arg Ala Met Glu Asn Val Lys Val Tyr Gly Val Asp Lys Leu	60
770 775 780	
Lys Gly Val Met Gly Met Thr Ser Gly Trp Lys Ile Ala Glu Pro Leu	65
785 790 795 800	
Glu Lys Gly Leu Leu Arg Ala Lys Asn Glu Val Tyr Val Phe Lys Asp	
805 810 815	
Gly Thr Ile Arg Phe Asp Ala Thr Asp Ala Pro Ile Thr His Phe Arg	
820 825 830	

DE 198 40 771 A 1

Pro Arg Glu Ile Gly Val Ser Val Glu Lys Leu Arg Glu Leu Gly Tyr
 835 840 845
 5 Thr His Asp Phe Glu Gly Lys Pro Leu Val Ser Glu Asp Gln Ile Val
 850 855 860
 10 Glu Leu Lys Pro Gln Asp Val Ile Leu Ser Lys Glu Ala Gly Lys Tyr
 865 870 875 880
 15 Leu Leu Arg Val Ala Arg Phe Val Asp Asp Leu Leu Glu Lys Phe Tyr
 885 890 895
 Gly Leu Pro Arg Phe Tyr Asn Ala Glu Lys Met Glu Asp Leu Ile Gly
 900 905 910
 20 His Leu Val Ile Gly Leu Ala Pro His Thr Ser Ala Gly Ile Val Gly
 915 920 925
 25 Arg Ile Ile Gly Phe Val Asp Ala Leu Val Gly Tyr Ala His Pro Tyr
 930 935 940
 30 Phe His Ala Ala Lys Arg Arg Asn Cys Asp Gly Asp Glu Asp Ser Val
 945 950 955 960
 35 Met Leu Leu Leu Asp Ala Leu Leu Asn Phe Ser Arg Tyr Tyr Leu Pro
 965 970 975
 Glu Lys Arg Gly Gly Lys Met Asp Ala Pro Leu Val Ile Thr Thr Arg
 980 985 990
 40 Leu Asp Pro Arg Glu Val Asp Ser Glu Val His Asn Met Asp Val Val
 995 1000 1005
 45 Arg Tyr Tyr Pro Leu Glu Phe Tyr Glu Ala Thr Tyr Glu Leu Lys Ser
 1010 1015 1020
 50 Pro Lys Glu Leu Val Arg Val Ile Glu Gly Val Glu Asp Arg Leu Gly
 1025 1030 1035 1040
 Lys Pro Glu Met Tyr Tyr Gly Ile Lys Phe Thr His Asp Thr Asp Asp
 1045 1050 1055
 55 Ile Ala Leu Gly Pro Lys Met Ser Leu Tyr Lys Gln Leu Gly Asp Met
 1060 1065 1070
 60 Glu Glu Lys Val Lys Arg Gln Leu Thr Leu Ala Glu Arg Ile Arg Ala
 1075 1080 1085
 65

DE 198 40 771 A 1

Val Asp Gln His Tyr Val Ala Glu Thr Ile Leu Asn Ser His Leu Ile
1090 1095 1100

Pro Asp Leu Arg Gly Asn Leu Arg Ser Phe Thr Arg Gln Glu Phe Arg
1105 1110 1115 1120

Cys Val Lys Cys Asn Thr Lys Tyr Arg Arg Pro Pro Leu Asp Gly Lys
1125 1130 1135

Cys Pro Val Cys Gly Gly Lys Ile Val Leu Thr Val Ser Lys Gly Ala
1140 1145 1150

Ile Glu Lys Tyr Leu Gly Thr Ala Lys Met Leu Val Ala Asn Tyr Asn
1155 1160 1165

Val Lys Pro Tyr Thr Arg Gln Arg Ile Cys Leu Thr Glu Lys Asp Ile
1170 1175 1180

Asp Ser Leu Phe Glu Tyr Leu Phe Pro Glu Ala Gln Leu Thr Leu Ile
1185 1190 1195 1200

Val Asp Pro Asn Asp Ile Cys Met Lys Met Ile Lys Glu Arg Thr Gly
1205 1210 1215

Glu Thr Val Gln Gly Gly Leu Leu Glu Asn Phe Asn Ser Ser Gly Asn
1220 1225 1230

Asn Gly Lys Lys Ile Glu Lys Lys Glu Lys Lys Ala Lys Glu Lys Pro
1235 1240 1245

Lys Lys Lys Lys Val Ile Ser Leu Asp Asp Phe Phe Ser Lys Arg
1250 1255 1260

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 363 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: Homo sapiens

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

5 Met Gln Ala Phe Leu Lys Gly Thr Ser Ile Ser Thr Lys Pro Pro Leu
 1 5 10 15
 Thr Lys Asp Arg Gly Val Ala Ala Ser Ala Gly Ser Ser Gly Glu Asn
 10 20 25 30
 Lys Lys Ala Lys Pro Val Pro Trp Val Glu Lys Tyr Arg Pro Lys Cys
 35 40 45
 15 Val Asp Glu Val Ala Phe Gln Glu Glu Val Val Ala Val Leu Lys Lys
 50 55 60
 20 Ser Leu Glu Gly Ala Asp Leu Pro Asn Leu Leu Phe Tyr Gly Pro Pro
 65 70 75 80
 Gly Thr Gly Lys Thr Ser Thr Ile Leu Ala Ala Ala Arg Glu Leu Phe
 25 85 90 95
 Gly Pro Glu Leu Phe Arg Leu Arg Val Leu Glu Leu Asn Ala Ser Asp
 30 100 105 110
 Glu Arg Gly Ile Gln Val Val Arg Glu Lys Val Lys Asn Phe Ala Gln
 115 120 125
 35 Leu Thr Val Ser Gly Ser Arg Ser Asp Gly Lys Pro Cys Pro Pro Phe
 130 135 140
 40 Lys Ile Val Ile Leu Asp Glu Ala Asp Ser Met Thr Ser Ala Ala Gln
 145 150 155 160
 Ala Ala Leu Arg Arg Thr Met Glu Lys Glu Ser Lys Thr Thr Arg Phe
 45 165 170 175
 Cys Leu Ile Cys Asn Tyr Val Ser Arg Ile Ile Glu Pro Leu Thr Ser
 50 180 185 190
 Arg Cys Ser Lys Phe Arg Phe Lys Pro Leu Ser Asp Lys Ile Gln Gln
 195 200 205
 55 Gln Arg Leu Leu Asp Ile Ala Lys Lys Glu Asn Val Lys Ile Ser Asp
 210 215 220
 60 Glu Gly Ile Ala Tyr Leu Val Lys Val Ser Glu Gly Asp Leu Arg Lys
 225 230 235 240
 65

DE 198 40 771 A 1

Ala Ile Thr Phe Leu Gln Ser Ala Thr Arg Leu Thr Gly Gly Lys Glu
245 250 255

Ile Thr Glu Lys Val Ile Thr Asp Ile Ala Gly Val Ile Pro Ala Glu
260 265 270

Lys Ile Asp Gly Val Phe Ala Ala Cys Gln Ser Gly Ser Phe Asp Lys
275 280 285

Leu Glu Ala Val Val Lys Asp Leu Ile Asp Glu Gly His Ala Ala Thr
290 295 300

Gln Leu Val Asn Gln Leu His Asp Val Val Val Glu Asn Asn Leu Ser
305 310 315 320

Asp Lys Gln Lys Ser Ile Ile Thr Glu Lys Leu Ala Glu Val Asp Lys
325 330 335

Cys Leu Ala Asp Gly Ala Asp Glu His Leu Gln Leu Ile Ser Leu Cys
340 345 350

Ala Thr Val Met Gln Gln Leu Ser Gln Asn Cys
355 360

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 329 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: Homo sapiens

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

Asn Leu Val Gln Cys Gly Asp Phe Pro His Leu Leu Val Tyr Gly Pro
1 5 10 15

Ser Gly Ala Gly Lys Lys Thr Arg Ile Met Cys Ile Leu Arg Glu Leu
20 25 30

DE 198 40 771 A 1

Tyr Gly Val Gly Val Glu Lys Leu Arg Ile Glu His Gln Thr Ile Thr
 35 40 45
 5 Thr Pro Ser Lys Lys Lys Ile Glu Ile Ser Thr Ile Ala Ser Asn Tyr
 50 55 60
 10 His Leu Glu Val Asn Pro Ser Asp Ala Gly Asn Ser Asp Arg Val Val
 65 70 75 80
 Ile Gln Glu Met Leu Lys Thr Val Ala Gln Ser Gln Gln Leu Glu Thr
 15 85 90 95
 Asn Ser Gln Arg Asp Phe Lys Val Val Leu Leu Thr Glu Val Asp Lys
 100 105 110
 20 Leu Thr Lys Asp Ala Gln His Ala Leu Arg Arg Thr Met Glu Lys Tyr
 115 120 125
 25 Met Ser Thr Cys Arg Leu Ile Leu Cys Cys Asn Ser Thr Ser Lys Val
 130 135 140
 30 Ile Pro Pro Ile Arg Ser Arg Cys Leu Ala Val Arg Val Pro Ala Pro
 145 150 155 160
 Ser Ile Glu Asp Ile Cys His Val Leu Ser Thr Val Cys Lys Lys Glu
 165 170 175
 35 Gly Leu Asn Leu Pro Ser Gln Leu Ala His Arg Leu Ala Glu Lys Ser
 180 185 190
 40 Cys Arg Asn Leu Arg Lys Ala Leu Leu Met Cys Glu Ala Cys Arg Val
 195 200 205
 45 Gln Gln Tyr Pro Phe Thr Ala Asp Gln Glu Ile Pro Glu Thr Asp Trp
 210 215 220
 Glu Val Tyr Leu Arg Glu Thr Ala Asn Ala Ile Val Ser Gln Gln Thr
 225 230 235 240
 50 Pro Gln Arg Leu Leu Glu Val Arg Gly Arg Leu Tyr Glu Leu Leu Thr
 245 250 255
 55 His Cys Ile Pro Pro Glu Ile Ile Met Lys Gly Leu Leu Ser Glu Leu
 260 265 270
 60 Leu His Asn Cys Asp Gly Gln Leu Lys Gly Glu Val Ala Gln Met Ala
 275 280 285
 65

DE 198 40 771 A 1

Ala Tyr Tyr Glu His Arg Leu Gln Leu Gly Ser Lys Ala Ile Tyr His
290 295 300

Leu Glu Ala Phe Val Ala Lys Phe Met Ala Leu Tyr Lys Lys Phe Ile
305 310 315 320

Gln Asp Gly Leu Glu Gly Met Met Phe
325

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 354 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: Homo sapiens

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

Met Glu Val Glu Ala Val Cys Gly Gly Ala Gly Glu Val Glu Ala Gln
1 5 10 15

Asp Ser Asp Pro Ala Pro Ala Phe Ser Lys Ala Pro Gly Ser Ala Gly
20 25 30

His Tyr Glu Leu Pro Trp Val Glu Lys Tyr Arg Pro Val Lys Leu Asn
35 40 45

Glu Ile Val Gly Asn Glu Asp Thr Val Ser Arg Leu Glu Val Phe Ala
50 55 60

Arg Glu Gly Asn Val Pro Asn Ile Ile Ile Ala Gly Pro Pro Gly Thr
65 70 75 80

Gly Lys Thr Thr Ser Ile Leu Cys Leu Ala Arg Ala Leu Leu Gly Pro
85 90 95

Ala Leu Lys Asp Ala Met Leu Glu Leu Asn Ala Ser Asn Asp Arg Gly
100 105 110

DE 198 40 771 A 1

Ile Asp Val Val Arg Asn Lys Ile Lys Met Phe Ala Gln Gln Lys Val
115 120 125

5 Thr Leu Pro Lys Gly Arg His Lys Ile Ile Ile Leu Asp Glu Ala Asp
130 135 140

10 Ser Met Thr Asp Gly Ala Gln Gln Ala Leu Arg Arg Thr Met Glu Ile
145 150 155 160

Tyr Ser Lys Thr Thr Arg Phe Ala Leu Ala Cys Asn Ala Ser Asp Lys
15 165 170 175

Ile Ile Glu Pro Ile Gln Ser Arg Cys Ala Val Leu Arg Tyr Thr Lys
180 185 190

20 Leu Thr Asp Ala Gln Ile Leu Thr Arg Leu Met Asn Val Ile Glu Lys
195 200 205

25 Glu Arg Val Pro Tyr Thr Asp Asp Gly Leu Glu Ala Ile Ile Phe Thr
210 215 220

30 Ala Gln Gly Asp Met Arg Gln Ala Leu Asn Asn Leu Gln Ser Thr Phe
225 230 235 240

Ser Gly Phe Gly Phe Ile Asn Ser Glu Asn Val Phe Lys Val Cys Asp
35 245 250 255

Glu Pro His Pro Leu Leu Val Lys Glu Met Ile Gln His Cys Val Asn
260 265 270

40 Ala Asn Ile Asp Glu Ala Tyr Lys Ile Leu Ala His Leu Trp His Leu
275 280 285

45 Gly Tyr Ser Pro Glu Asp Ile Ile Gly Asn Ile Phe Arg Val Cys Lys
290 295 300

Thr Phe Gln Met Ala Glu Tyr Leu Lys Leu Glu Phe Ile Lys Glu Ile
50 305 310 315 320

Gly Tyr Thr His Met Lys Ile Ala Glu Gly Val Asn Ser Leu Leu Gln
55 325 330 335

Met Ala Gly Leu Leu Ala Arg Leu Cys Gln Lys Thr Met Ala Pro Val
340 345 350

60 Ala Ser

65

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 366 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: Escherichia coli

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

Met Lys Phe Thr Val Glu Arg Glu His Leu Leu Lys Pro Leu Gln Gln
1 5 10 15

Val Ser Gly Pro Leu Gly Gly Arg Pro Thr Leu Pro Ile Leu Gly Asn
20 25 30

Leu Leu Leu Gln Val Ala Asp Gly Thr Leu Ser Leu Thr Gly Thr Asp
35 40 45

Leu Glu Met Glu Met Val Ala Arg Val Ala Leu Val Gln Pro His Glu
50 55 60

Pro Gly Ala Thr Thr Val Pro Ala Arg Lys Phe Phe Asp Ile Cys Arg
65 70 75 80

Gly Leu Pro Glu Gly Ala Glu Ile Ala Val Gln Leu Glu Gly Glu Arg
85 90 95

Met Leu Val Arg Ser Gly Arg Ser Arg Phe Ser Leu Ser Thr Leu Pro
100 105 110

Ala Ala Asp Phe Pro Asn Leu Asp Asp Trp Gln Ser Glu Val Glu Phe
115 120 125

Thr Leu Pro Gln Ala Thr Met Lys Arg Leu Ile Glu Ala Thr Gln Phe
130 135 140

Ser Met Ala His Gln Asp Val Arg Tyr Tyr Leu Asn Gly Met Leu Phe
145 150 155 160

DE 198 40 771 A 1

Glu Thr Glu Gly Glu Glu Leu Arg Thr Val Ala Thr Asp Gly His Arg
 165 170 175
 5 Leu Ala Val Cys Ser Met Pro Ile Gly Gln Ser Leu Pro Ser His Ser
 180 185 190
 10 Val Ile Val Pro Arg Lys Gly Val Ile Glu Leu Met Arg Met Leu Asp
 195 200 205
 15 Gly Gly Asp Asn Pro Leu Arg Val Gln Ile Gly Ser Asn Asn Ile Arg
 210 215 220
 20 Ala His Val Gly Asp Phe Ile Phe Thr Ser Lys Leu Val Asp Gly Arg
 225 230 235 240
 Phe Pro Asp Tyr Arg Arg Val Leu Pro Lys Asn Pro Asp Lys His Leu
 245 250 255
 25 Glu Ala Gly Cys Asp Leu Leu Lys Gln Ala Phe Ala Arg Ala Ala Ile
 260 265 270
 30 Leu Ser Asn Glu Lys Phe Arg Gly Val Arg Leu Tyr Val Ser Glu Asn
 275 280 285
 35 Gln Leu Lys Ile Thr Ala Asn Asn Pro Glu Gln Glu Glu Ala Glu Glu
 290 295 300
 Ile Leu Asp Val Thr Tyr Ser Gly Ala Glu Met Glu Ile Gly Phe Asn
 305 310 315 320
 40 Val Ser Tyr Val Leu Asp Val Leu Asn Ala Leu Lys Cys Glu Asn Val
 325 330 335
 45 Arg Met Met Leu Thr Asp Ser Val Ser Ser Val Gln Ile Glu Asp Ala
 340 345 350
 50 Ala Ser Gln Ser Ala Ala Tyr Val Val Met Pro Met Arg Leu
 355 360 365

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 36:

- 55 (i) SEQUENZKENNZEICHEN:
 (A) LÄNGE: 363 Aminosäuren
 (B) ART: Aminosäure
 60 (C) STRANGFORM: Einzelstrang
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

65

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: Aquifex Aeolicus

5

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

10

Met Arg Val Lys Val Asp Arg Glu Glu Leu Glu Glu Val Leu Lys Lys
 1 5 10 15

Ala Arg Glu Ser Thr Glu Lys Lys Ala Ala Leu Pro Ile Leu Ala Asn
 20 25 30

15

Phe Leu Leu Ser Ala Lys Glu Glu Asn Leu Ile Val Arg Ala Thr Asp
 35 40 45

20

Leu Glu Asn Tyr Leu Val Val Ser Val Lys Gly Glu Val Glu Glu Glu
 50 55 60

25

Gly Glu Val Cys Val His Ser Gln Lys Leu Tyr Asp Ile Val Lys Asn
 65 70 75 80

Leu Asn Ser Ala Tyr Val Tyr Leu His Thr Glu Gly Glu Lys Leu Val
 85 90 95

30

Ile Thr Gly Gly Lys Ser Thr Tyr Lys Leu Pro Thr Ala Pro Ala Glu
 100 105 110

35

Asp Phe Pro Glu Phe Pro Glu Ile Val Glu Gly Gly Glu Thr Leu Ser
 115 120 125

40

Gly Asn Leu Leu Val Asn Gly Ile Glu Lys Val Glu Tyr Ala Ile Ala
 130 135 140

45

Lys Glu Glu Ala Asn Ile Ala Leu Gln Gly Met Tyr Leu Arg Gly Tyr
 145 150 155 160

Glu Asp Arg Ile His Phe Val Gly Ser Asp Gly His Arg Leu Ala Leu
 165 170 175

50

Tyr Glu Pro Leu Gly Glu Phe Ser Lys Glu Leu Leu Ile Pro Arg Lys
 180 185 190

55

Ser Leu Lys Val Leu Lys Lys Leu Ile Thr Gly Ile Glu Asp Val Asn
 195 200 205

60

Ile Glu Lys Ser Glu Asp Glu Ser Phe Ala Tyr Phe Ser Thr Pro Glu
 210 215 220

65

DE 198 40 771 A 1

Trp Lys Leu Ala Val Arg Leu Leu Glu Gly Glu Phe Pro Asp Tyr Met
225 230 235 240

5 Ser Val Ile Pro Glu Glu Phe Ser Ala Glu Val Leu Phe Glu Thr Glu
245 250 255

10 Glu Val Leu Lys Val Leu Lys Arg Leu Lys Ala Leu Ser Glu Gly Lys
260 265 270

15 Val Phe Pro Val Lys Ile Thr Leu Ser Glu Asn Leu Ala Ile Phe Glu
275 280 285

Phe Ala Asp Pro Glu Phe Gly Glu Ala Arg Glu Glu Ile Glu Val Glu
290 295 300

20 Tyr Thr Gly Glu Pro Phe Glu Ile Gly Phe Asn Gly Lys Tyr Leu Met
305 310 315 320

25 Glu Ala Leu Asp Ala Tyr Asp Ser Glu Arg Val Trp Phe Lys Phe Thr
325 330 335

30 Thr Pro Asp Thr Ala Thr Leu Leu Glu Ala Glu Asp Tyr Glu Lys Glu
340 345 350

35 Pro Tyr Lys Cys Ile Ile Met Pro Met Arg Val
355 360

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 37:

- 40 (i) SEQUENZKENNZEICHEN:
(A) LÄNGE: 1160 Aminosäuren
(B) ART: Aminosäure
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

- 50 (vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: Escherichia coli

55

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

60 Met Ser Glu Pro Arg Phe Val His Leu Arg Val His Ser Asp Tyr Ser
1 5 10 15

65

DE 198 40 771 A 1

Met Ile Asp Gly Leu Ala Lys Thr Ala Pro Leu Val Lys Lys Ala Ala	5
20 25 30	
Ala Leu Gly Met Pro Ala Leu Ala Ile Thr Asp Phe Thr Asn Leu Cys	10
35 40 45	
Gly Leu Val Lys Phe Tyr Gly Ala Gly His Gly Ala Gly Ile Lys Pro	15
50 55 60	
Ile Val Gly Ala Asp Phe Asn Val Gln Cys Asp Leu Leu Gly Asp Glu	20
65 70 75 80	
Leu Thr His Leu Thr Val Leu Ala Ala Asn Asn Thr Gly Tyr Gln Asn	25
85 90 95	
Leu Thr Leu Leu Ile Ser Lys Ala Tyr Gln Arg Gly Tyr Gly Ala Ala	30
100 105 110	
Gly Pro Ile Ile Asp Arg Asp Trp Leu Ile Glu Leu Asn Glu Gly Leu	35
115 120 125	
Ile Leu Leu Ser Gly Gly Arg Met Gly Asp Val Gly Arg Ser Leu Leu	40
130 135 140	
Arg Gly Asn Ser Ala Leu Val Asp Glu Cys Val Ala Phe Tyr Glu Glu	45
145 150 155 160	
His Phe Pro Asp Arg Tyr Phe Leu Glu Leu Ile Arg Thr Gly Arg Pro	50
165 170 175	
Asp Glu Glu Ser Tyr Leu His Ala Ala Val Glu Leu Ala Glu Ala Arg	55
180 185 190	
Gly Leu Pro Val Val Ala Thr Asn Asp Val Arg Phe Ile Asp Ser Ser	60
195 200 205	
Asp Phe Asp Ala His Glu Ile Arg Val Ala Ile His Asp Gly Phe Thr	65
210 215 220	
Leu Asp Asp Pro Lys Arg Pro Arg Asn Tyr Ser Pro Gln Gln Tyr Met	
225 230 235 240	
Arg Ser Glu Glu Glu Met Cys Glu Leu Phe Ala Asp Ile Pro Glu Ala	
245 250 255	
Leu Ala Asn Thr Val Glu Ile Ala Lys Arg Cys Asn Val Thr Val Arg	
260 265 270	

DE 198 40 771 A 1

Leu Gly Glu Tyr Phe Leu Pro Gln Phe Pro Thr Gly Asp Met Ser Thr
 275 280 285
 5 Glu Asp Tyr Leu Val Lys Arg Ala Lys Glu Gly Leu Glu Glu Arg Leu
 290 295 300
 10 Ala Phe Leu Phe Pro Asp Glu Glu Glu Arg Leu Lys Arg Arg Pro Glu
 305 310 315 320
 Tyr Asp Glu Arg Leu Glu Thr Glu Leu Gln Val Ile Asn Gln Met Gly
 15 325 330 335
 Phe Pro Gly Tyr Phe Leu Ile Val Met Glu Phe Ile Gln Trp Ser Lys
 340 345 350
 20 Asp Asn Gly Val Pro Val Gly Pro Gly Arg Gly Ser Gly Ala Gly Ser
 355 360 365
 25 Leu Val Ala Tyr Ala Leu Lys Ile Thr Asp Leu Asp Pro Leu Glu Phe
 370 375 380
 Asp Leu Leu Phe Glu Arg Phe Leu Asn Pro Glu Arg Val Ser Met Pro
 30 385 390 395 400
 Asp Phe Asp Val Asp Phe Cys Met Glu Lys Arg Asp Gln Val Ile Glu
 35 405 410 415
 His Val Ala Asp Met Tyr Gly Arg Asp Ala Val Ser Gln Ile Ile Thr
 420 425 430
 40 Phe Gly Thr Met Ala Ala Lys Ala Val Ile Arg Asp Val Gly Arg Val
 435 440 445
 45 Leu Gly His Pro Tyr Gly Phe Val Asp Arg Ile Ser Lys Leu Ile Pro
 450 455 460
 Pro Asp Pro Gly Met Thr Leu Ala Lys Ala Phe Glu Ala Glu Pro Gln
 50 465 470 475 480
 Leu Pro Glu Ile Tyr Glu Ala Asp Glu Glu Val Lys Ala Leu Ile Asp
 55 485 490 495
 Met Ala Arg Lys Leu Glu Gly Val Thr Arg Asn Ala Gly Lys His Ala
 500 505 510
 60 Gly Gly Val Val Ile Ala Pro Thr Lys Ile Thr Asp Phe Ala Pro Leu
 515 520 525
 65

DE 198 40 771 A 1

Tyr Cys Asp Glu Glu Gly Lys His Pro Val Thr Gln Phe Asp Lys Ser	
530 535 540	
Asp Val Glu Tyr Ala Gly Leu Val Lys Phe Asp Phe Leu Gly Leu Arg	5
545 550 555 560	
Thr Leu Thr Ile Ile Asn Trp Ala Leu Glu Met Ile Asn Lys Arg Arg	10
565 570 575	
Ala Lys Asn Gly Glu Pro Pro Leu Asp Ile Ala Ala Ile Pro Leu Asp	15
580 585 590	
Asp Lys Lys Ser Phe Asp Met Leu Gln Arg Ser Glu Thr Thr Ala Val	20
595 600 605	
Phe Gln Leu Glu Ser Arg Gly Met Lys Asp Leu Ile Lys Arg Leu Gln	25
610 615 620	
Pro Asp Cys Phe Glu Asp Met Ile Ala Leu Val Ala Leu Phe Arg Pro	30
625 630 635 640	
Gly Pro Leu Gln Ser Gly Met Val Asp Asn Phe Ile Asp Arg Lys His	35
645 650 655	
Gly Arg Glu Glu Ile Ser Tyr Pro Asp Val Gln Trp Gln His Glu Ser	40
660 665 670	
Leu Lys Pro Val Leu Glu Pro Thr Tyr Gly Ile Ile Leu Tyr Gln Glu	45
675 680 685	
Gln Val Met Gln Ile Ala Gln Val Leu Ser Gly Tyr Thr Leu Gly Gly	50
690 695 700	
Ala Asp Met Leu Arg Arg Ala Met Gly Lys Lys Lys Pro Glu Glu Met	55
705 710 715 720	
Ala Lys Gln Arg Ser Val Phe Ala Glu Gly Ala Glu Lys Asn Gly Ile	60
725 730 735	
Asn Ala Glu Leu Ala Met Lys Ile Phe Asp Leu Val Glu Lys Phe Ala	65
740 745 750	
Gly Tyr Gly Phe Asn Lys Ser His Ser Ala Ala Tyr Ala Leu Val Ser	
755 760 765	
Tyr Gln Thr Leu Trp Leu Lys Ala His Tyr Pro Ala Glu Phe Met Ala	
770 775 780	

DE 198 40 771 A 1

Ala Val Met Thr Ala Asp Met Asp Asn Thr Glu Lys Val Val Gly Leu
785 790 795 800

5 Val Asp Glu Cys Trp Arg Met Gly Leu Lys Ile Leu Pro Pro Asp Ile
805 810 815

10 Asn Ser Gly Leu Tyr His Phe His Val Asn Asp Asp Gly Glu Ile Val
820 825 830

Tyr Gly Ile Gly Ala Ile Lys Gly Val Gly Glu Gly Pro Ile Glu Ala
15 835 840 845

Ile Ile Glu Ala Arg Asn Lys Gly Gly Tyr Phe Arg Glu Leu Phe Asp
20 850 855 860

Leu Cys Ala Arg Thr Asp Thr Lys Lys Leu Asn Arg Arg Val Leu Glu
25 865 870 875 880

Lys Leu Ile Met Ser Gly Ala Phe Asp Arg Leu Gly Pro His Arg Ala
885 890 895

30 Ala Leu Met Asn Ser Leu Gly Asp Ala Leu Lys Ala Ala Asp Gln His
900 905 910

Ala Lys Ala Glu Ala Ile Gly Gln Ala Asp Met Phe Gly Val Leu Ala
35 915 920 925

Glu Glu Pro Glu Gln Ile Glu Gln Ser Tyr Ala Ser Cys Gln Pro Trp
40 930 935 940

Pro Glu Gln Val Val Leu Asp Gly Glu Arg Glu Thr Leu Gly Leu Tyr
45 945 950 955 960

Leu Thr Gly His Pro Ile Asn Gln Tyr Leu Lys Glu Ile Glu Arg Tyr
965 970 975

Val Gly Gly Val Arg Leu Lys Asp Met His Pro Thr Glu Arg Gly Lys
50 980 985 990

Val Ile Thr Ala Ala Gly Leu Val Val Ala Ala Arg Val Met Val Thr
55 995 1000 1005

Lys Arg Gly Asn Arg Ile Gly Ile Cys Thr Leu Asp Asp Arg Ser Gly
1010 1015 1020

60 Arg Leu Glu Val Met Leu Phe Thr Asp Ala Leu Asp Lys Tyr Gln Gln
1025 1030 1035 1040

65

DE 198 40 771 A 1

Leu Leu Glu Lys Asp Arg Ile Leu Ile Val Ser Gly Gln Val Ser Phe
1045 1050 1055

Asp Asp Phe Ser Gly Gly Leu Lys Met Thr Ala Arg Glu Val Met Asp
1060 1065 1070

Ile Asp Glu Ala Arg Glu Lys Tyr Ala Arg Gly Leu Ala Ile Ser Leu
1075 1080 1085

Thr Asp Arg Gln Ile Asp Asp Gln Leu Leu Asn Arg Leu Arg Gln Ser
1090 1095 1100

Leu Glu Pro His Arg Ser Gly Thr Ile Pro Val His Leu Tyr Tyr Gln
1105 1110 1115 1120

Arg Ala Asp Ala Arg Ala Arg Leu Arg Phe Gly Ala Thr Trp Arg Val
1125 1130 1135

Ser Pro Ser Asp Arg Leu Leu Asn Asp Leu Arg Gly Leu Ile Gly Ser
1140 1145 1150

Glu Gln Val Glu Leu Glu Phe Asp
1155 1160

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 1161 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: Aquifex Aeolicus

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

Met Ser Lys Asp Phe Val His Leu His Leu His Thr Gln Phe Ser Leu
1 5 10 15

Leu Asp Gly Ala Ile Lys Ile Asp Glu Leu Val Lys Lys Ala Lys Glu
20 25 30

DE 198 40 771 A 1

Tyr Gly Tyr Lys Ala Val Gly Met Ser Asp His Gly Asn Leu Phe Gly
 35 40 45
 5 Ser Tyr Lys Phe Tyr Lys Ala Leu Lys Ala Glu Gly Ile Lys Pro Ile
 50 55 60
 10 Ile Gly Met Glu Ala Tyr Phe Thr Thr Gly Ser Arg Phe Asp Arg Lys
 65 70 75 80
 15 Thr Lys Thr Ser Glu Asp Asn Ile Thr Asp Lys Tyr Asn His His Leu
 85 90 95
 20 Ile Leu Ile Ala Lys Asp Asp Lys Gly Leu Lys Asn Leu Met Lys Leu
 100 105 110
 Ser Thr Leu Ala Tyr Lys Glu Gly Phe Tyr Tyr Lys Pro Arg Ile Asp
 115 120 125
 25 Tyr Glu Leu Leu Glu Lys Tyr Gly Glu Gly Leu Ile Ala Leu Thr Ala
 130 135 140
 30 Cys Leu Lys Gly Val Pro Thr Tyr Tyr Ala Ser Ile Asn Glu Val Lys
 145 150 155 160
 35 Lys Ala Glu Glu Trp Val Lys Lys Phe Lys Asp Ile Phe Gly Asp Asp
 165 170 175
 40 Leu Tyr Leu Glu Leu Gln Ala Asn Asn Ile Pro Glu Gln Glu Val Ala
 180 185 190
 Asn Arg Asn Leu Ile Glu Ile Ala Lys Lys Tyr Asp Val Lys Leu Ile
 195 200 205
 45 Ala Thr Gln Asp Ala His Tyr Leu Asn Pro Glu Asp Arg Tyr Ala His
 210 215 220
 50 Thr Val Leu Met Ala Leu Gln Met Lys Lys Thr Ile His Glu Leu Ser
 225 230 235 240
 Ser Gly Asn Phe Lys Cys Ser Asn Glu Asp Leu His Phe Ala Pro Pro
 55 245 250 255
 Glu Tyr Met Trp Lys Lys Phe Glu Gly Lys Phe Glu Gly Trp Glu Lys
 260 265 270
 60 Ala Leu Leu Asn Thr Leu Glu Val Met Glu Lys Thr Ala Asp Ser Phe
 275 280 285
 65

DE 198 40 771 A 1

Glu Ile Phe Glu Asn Ser Thr Tyr Leu Leu Pro Lys Tyr Asp Val Pro
290 295 300

5

Pro Asp Lys Thr Leu Glu Glu Tyr Leu Arg Glu Leu Ala Tyr Lys Gly
305 310 315 320

Leu Arg Gln Arg Ile Glu Arg Gly Gln Ala Lys Asp Thr Lys Glu Tyr
325 330 335

10

Trp Glu Arg Leu Glu Tyr Glu Leu Glu Val Ile Asn Lys Met Gly Phe
340 345 350

15

Ala Gly Tyr Phe Leu Ile Val Gln Asp Phe Ile Asn Trp Ala Lys Lys
355 360 365

20

Asn Asp Ile Pro Val Gly Pro Gly Arg Gly Ser Ala Gly Gly Ser Leu
370 375 380

25

Val Ala Tyr Ala Ile Gly Ile Thr Asp Val Asp Pro Ile Lys His Gly
385 390 395 400

Phe Leu Phe Glu Arg Phe Leu Asn Pro Glu Arg Val Ser Met Pro Asp
405 410 415

30

Ile Asp Val Asp Phe Cys Gln Asp Asn Arg Glu Lys Val Ile Glu Tyr
420 425 430

35

Val Arg Asn Lys Tyr Gly His Asp Asn Val Ala Gln Ile Ile Thr Tyr
435 440 445

40

Asn Val Met Lys Ala Lys Gln Thr Leu Arg Asp Val Ala Arg Ala Met
450 455 460

Gly Leu Pro Tyr Ser Thr Ala Asp Lys Leu Ala Lys Leu Ile Pro Gln
465 470 475 480

45

Gly Asp Val Gln Gly Thr Trp Leu Ser Leu Glu Glu Met Tyr Lys Thr
485 490 495

50

Pro Val Glu Glu Leu Leu Gln Lys Tyr Gly Glu His Arg Thr Asp Ile
500 505 510

55

Glu Asp Asn Val Lys Lys Phe Arg Gln Ile Cys Glu Glu Ser Pro Glu
515 520 525

Ile Lys Gln Leu Val Glu Thr Ala Leu Lys Leu Glu Gly Leu Thr Arg
530 535 540

60

65

DE 198 40 771 A 1

His Thr Ser Leu His Ala Ala Gly Val Val Ile Ala Pro Lys Pro Leu
 545 550 555 560
 5 Ser Glu Leu Val Pro Leu Tyr Tyr Asp Lys Glu Gly Glu Val Ala Thr
 565 570 575
 10 Gln Tyr Asp Met Val Gln Leu Glu Glu Leu Gly Leu Leu Lys Met Asp
 580 585 590
 Phe Leu Gly Leu Lys Thr Leu Thr Glu Leu Lys Leu Met Lys Glu Leu
 15 595 600 605
 Ile Lys Glu Arg His Gly Val Asp Ile Asn Phe Leu Glu Leu Pro Leu
 610 615 620
 20 Asp Asp Pro Lys Val Tyr Lys Leu Leu Gln Glu Gly Lys Thr Thr Gly
 625 630 635 640
 25 Val Phe Gln Leu Glu Ser Arg Gly Met Lys Glu Leu Leu Lys Lys Leu
 645 650 655
 30 Lys Pro Asp Ser Phe Asp Asp Ile Val Ala Val Leu Ala Leu Tyr Arg
 660 665 670
 Pro Gly Pro Leu Lys Ser Gly Leu Val Asp Thr Tyr Ile Lys Arg Lys
 35 675 680 685
 His Gly Lys Glu Pro Val Glu Tyr Pro Phe Pro Glu Leu Glu Pro Val
 690 695 700
 40 Leu Lys Glu Thr Tyr Gly Val Ile Val Tyr Gln Glu Gln Val Met Lys
 705 710 715 720
 45 Met Ser Gln Ile Leu Ser Gly Phe Thr Pro Gly Glu Ala Asp Thr Leu
 725 730 735
 Arg Lys Ala Ile Gly Lys Lys Lys Ala Asp Leu Met Ala Gln Met Lys
 50 740 745 750
 Asp Lys Phe Ile Gln Gly Ala Val Glu Arg Gly Tyr Pro Glu Glu Lys
 55 755 760 765
 Ile Arg Lys Leu Trp Glu Asp Ile Glu Lys Phe Ala Ser Tyr Ser Phe
 770 775 780
 60 Asn Lys Ser His Ser Val Ala Tyr Gly Tyr Ile Ser Tyr Trp Thr Ala
 785 790 795 800
 65

DE 198 40 771 A 1

Tyr Val Lys Ala His Tyr Pro Ala Glu Phe Phe Ala Val Lys Leu Thr	
805 810 815	
Thr Glu Lys Asn Asp Asn Lys Phe Leu Asn Leu Ile Lys Asp Ala Lys	5
820 825 830	
Leu Phe Gly Phe Glu Ile Leu Pro Pro Asp Ile Asn Lys Ser Asp Val	10
835 840 845	
Gly Phe Thr Ile Glu Gly Glu Asn Arg Ile Arg Phe Gly Leu Ala Arg	15
850 855 860	
Ile Lys Gly Val Gly Glu Glu Thr Ala Lys Ile Ile Val Glu Ala Arg	20
865 870 875 880	
Lys Lys Tyr Lys Gln Phe Lys Gly Leu Ala Asp Phe Ile Asn Lys Thr	25
885 890 895	
Lys Asn Arg Lys Ile Asn Lys Lys Val Val Glu Ala Leu Val Lys Ala	30
900 905 910	
Gly Ala Phe Asp Phe Thr Lys Lys Lys Arg Lys Glu Leu Leu Ala Lys	35
915 920 925	
Val Ala Asn Ser Glu Lys Ala Leu Met Ala Thr Gln Asn Ser Leu Phe	40
930 935 940	
Gly Ala Pro Lys Glu Glu Val Glu Glu Leu Asp Pro Leu Lys Leu Glu	45
945 950 955 960	
Lys Glu Val Leu Gly Phe Tyr Ile Ser Gly His Pro Leu Asp Asn Tyr	50
965 970 975	
Glu Lys Leu Leu Lys Asn Arg Tyr Thr Pro Ile Glu Asp Leu Glu Glu	55
980 985 990	
Trp Asp Lys Glu Ser Glu Ala Val Leu Thr Gly Val Ile Thr Glu Leu	60
995 1000 1005	
Lys Val Lys Lys Thr Lys Asn Gly Asp Tyr Met Ala Val Phe Asn Leu	65
1010 1015 1020	
Val Asp Lys Thr Gly Leu Ile Glu Cys Val Val Phe Pro Gly Val Tyr	
1025 1030 1035 1040	
Glu Glu Ala Lys Glu Leu Ile Glu Glu Asp Arg Val Val Val Val Lys	
1045 1050 1055	

Gly Phe Leu Asp Glu Asp Leu Glu Thr Glu Asn Val Lys Phe Val Val
 1060 1065 1070
 5 Lys Glu Val Phe Ser Pro Glu Glu Phe Ala Lys Glu Met Arg Asn Thr
 1075 1080 1085
 10 Leu Tyr Ile Phe Leu Lys Arg Glu Gln Ala Leu Asn Gly Val Ala Glu
 1090 1095 1100
 Lys Leu Lys Gly Ile Ile Glu Asn Asn Arg Thr Glu Asp Gly Tyr Asn
 15 1105 1110 1115 1120
 Leu Val Leu Thr Val Asp Leu Gly Asp Tyr Phe Val Asp Leu Ala Leu
 1125 1130 1135
 20 Pro Gln Asp Met Lys Leu Lys Ala Asp Arg Lys Val Val Glu Glu Ile
 1140 1145 1150
 25 Glu Lys Leu Gly Val Lys Val Ile Ile
 1155 1160

30 Patentansprüche

1. Thermostabiler in vitro Komplex zur Template-abhängigen Elongation von Nukleinsäuren, umfassend ein thermostabiles Gleitklammerprotein, welches mit einem thermostabilen Polymeraseaktivität-aufweisenden Elongationsprotein verbunden ist.
- 35 2. Thermostabiler Komplex nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass das Gleitklammerprotein und das Elongationsprotein über ein Kopplungsprotein verbunden sind.
3. Thermostabiler Komplex nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, dass das Gleitklammerprotein und das Elongationsprotein aus Archaeobakterien stammen.
4. Thermostabiler Komplex nach Anspruch 1, 2 oder 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Gleitklammerprotein eine ringförmige Struktur aufweist, welche die Template-Nukleinsäurestränge ganz oder teilweise umschließt.
- 40 5. Thermostabiler Komplex nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Gleitklammerprotein eine oder beide der folgenden Aminosäurekonsensussequenzen aufweist:
 SEQ ID NO: 39
 [G A V L I M P F W]-D-X-X-X-[G A V L I M P F W]-X-X-[G A V L I M P F W]-X-[G A V L I M P F W]-X-[G A V L I M P F W]-X-X-X-X-F-X-X-Y-X-X-D und/oder
 45 SEQ ID NO: 40
 [G A V L I M P F W]-X(3)-L-A-P-[K R H D E]-[G A V L I M P F W]-E.
6. Thermostabiler Komplex nach einem der Ansprüche 1 bis 5, dadurch gekennzeichnet, dass das Gleitklammerprotein zu der menschlichen (Eukaryonten) PCNA Aminosäuresequenz (SEQ ID NO: 11) auf einer Länge von mindestens 100 Aminosäuren bei einem Sequenzalignment eine mindestens 20%ige Sequenzidentität aufweist und/oder das Gleitklammerprotein zu der bakterielle β -clamp Sequenz aus E.coli (Eubakteria) (SEQ ID NO: 35) auf einer Länge von mindestens 100 Aminosäuren bei einem Sequenzalignment eine mindestens 20%ige Sequenzidentität aufweist und/oder das Gleitklammerprotein zu der Aminosäuresequenz des PCNA Homologen aus Archaeoglobus Fulgidus (Archaea) (SEQ ID NO: 12) auf einer Länge von mindestens 100 Aminosäuren bei einem Sequenzalignment eine mindestens 20%ige Sequenzidentität aufweist.
- 55 7. Thermostabiler Komplex nach einem der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass das Gleitklammerprotein mit einem aus einem Alignment aus Abb. 12 generierten Hidden Markow Modell einen Score von mindestens 20 ergibt und/oder wobei das Gleitklammerprotein mit einem aus einem Alignment aus Abb. 13 generierten Hidden Markow Modell einen Score von mindestens 25 ergibt.
8. Thermostabiler Komplex nach einem der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass das Gleitklammerprotein ausgewählt ist aus AF0335 aus Archacoglobus Fulgidus, MJ0247 aus Methanococcus jannaschii, PHLA008 aus Pyrococcus horikoshii, MTH1312 aus Methanobacterium thermoautotrophicus sowie AE000761_7 aus Aquifex aeolicus.
9. Thermostabiler Komplex nach einem der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass das Elongationsprotein eine 5'-3'-Polymeraseaktivität oder eine Reverse-Transkriptaseaktivität aufweist.
- 65 10. Thermostabiler Komplex nach Anspruch 9, dadurch gekennzeichnet, dass das Elongationsprotein mindestens eine der folgenden Konsensussequenzen beinhaltet und an nicht mehr als vier Positionen von dieser Sequenz abweicht:

SEQ ID NO: 44

D-[G A V L I M P F W]-[G A V L I M P F W]-X-X-Y-N-X-X-X-F-D-X-P-Y-[G A V K U N O F W]-X-X-R-A

SEQ ID NO: 45

A-[G A V L I M P F W]-R-T-A-[F A V L I M P F W]-A-[G A V L I M P F W]-[G A V L I M P F W]-T-E-G-[G A V L I M P F W]-V-X-A-P-[G A V L I M P F W]-E-G-I-A-X-V-[K R I I D E]-I

SEQ ID NO: 46

[G A V I I M P F W]-P-V-G-[G A V I I M P F W]-G-R-G-S-X-[G A V L I M P F W]-G-S-[G A V K U N O F W]-V-A-X-A-[G A V L I M P F W]-X-I-T-D-[G A V K U N O F W]-D-P-[G A V L I M P F W]-X-X-X-[G A V L I M P F W]-L-F-E-R-F-L-N-P-E-R-[G A V L I M P F W]-S-M-P-D.

11. Thermostabiler Komplex nach Anspruch 9, dadurch gekennzeichnet, dass das Elongationsprotein eine zu der menschlichen (Eukaryonten) Aminosäuresequenz (SEQ ID NO: 22) auf einer Länge von mindestens 200 Aminosäuren bei einem Sequenzalignment eine mindestens 20%ige Sequenzidentität aufweist und/oder zur archaebakteriellen Aminosäuresequenz (SEQ ID NO: 27) auf einer Länge von mindestens 400 Aminosäuren bei einem Sequenzalignment eine mindestens 25%ige Sequenzidentität aufweist und/oder zur eubakteriellen Aminosäuresequenz (SEQ ID NO: 37) auf einer Länge von mindestens 300 Aminosäuren bei einem Sequenzalignment eine mindestens 25%ige Sequenzidentität aufweist.

12. Thermostabiler Komplex nach Anspruch 9, dadurch gekennzeichnet, dass das Elongationsprotein mit einem aus einem Alignment aus Abb. 17 generierten Hidden Markow Modell einen Score von mindestens 20 ergibt und/oder wobei das Elongationsprotein mit einem aus einem Alignment aus Abb. 18 generierten Hidden Markow Modell einen Score von mindestens 35 ergibt und/oder wobei das Elongationsprotein mit einem aus einem Alignment aus Abb. 19 generierten Hidden Markow Modell einen Score von mindestens 20 ergibt.

13. Thermostabiler Komplex nach einem der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass das Elongationsprotein ausgewählt ist aus AF0497 oder AF1722 aus *Archaeoglobus fulgidus*, MJ0885 oder MJ1630 aus *Methanococcus jannaschii*, PHBT047 oder PHBN021 aus *Pyrococcus horikoshii*, MTH1208 oder MTH1536 aus *Methanobacterium thermoautotrophicus* sowie PFUORF3 aus *Pyrococcus furiosus*.

14. Thermostabiler Komplex nach einem der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass das Kopplungsprotein die folgende Konsensussequenz beinhaltet und an nicht mehr als vier Positionen von dieser Sequenz abweicht:

(SEQ ID NO: 43)

[FL]-[G A V L I M P F W]-X-X-[G A V L I M P F W]-X-G-X(13)-[G A V L I M P F W]-X-[YR]-[G A V L I M P F W]-X-[G A V L I M P F W]-A-G-[DN]-[G A V L I M P F W]-[G A V L I M P F W]-[DS].

15. Thermostabiler Komplex nach einem der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass das Kopplungsprotein zu der menschlichen (Eukaryonten) Aminosäuresequenz (SEQ ID NO: 16) auf einer Länge von mindestens 150 Aminosäuren bei einem Sequenzalignment eine mindestens 18%ige Sequenzidentität aufweist.

16. Thermostabiler Komplex nach einem der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass das Kopplungsprotein mit einem aus einem Alignment aus Abb. 16 generierten Hidden Markow Modell einen Score von mindestens 10 ergibt.

17. Thermostabiler Komplex nach einem der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass das Kopplungsprotein ausgewählt ist aus AF1790 aus *Archaeoglobus fulgidus*, MJ0702 aus *Methanococcus jannaschii*, PHBN023 aus *Pyrococcus horikoshii*, MTH1405 aus *Methanobacterium thermoautotrophicum* sowie PFUORF2 aus *Pyrococcus furiosus*.

18. Thermostabiler Komplex nach einem der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass der Komplex mit einem Protein assoziiert ist, welches als Gleitklammerlader fungiert.

19. Thermostabiler Komplex nach einem der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass der Komplex mit ATP oder einem anderen Kofaktor assoziiert vorliegt.

20. Thermostabiler akzessorischer in vitro-Komplex, dadurch gekennzeichnet, dass er ein Gleitklammerprotein und ein Kopplungsprotein enthält, wie sie jeweils in einem der vorhergehenden Ansprüche definiert sind.

21. Rekombinante DNA-Sequenz, dadurch gekennzeichnet, dass sie für einen thermostabilen in vitro-Komplex gemäß einem der Ansprüche 1 bis 19 oder für einen thermostabilen akzessorischen Komplex nach Anspruch 20 codiert.

22. Vektor, dadurch gekennzeichnet, dass er eine für ein Gleitklammerprotein und ein Kopplungsprotein oder/und ein Elongationsprotein codierende, rekombinante DNA-Sequenz enthält.

23. Vektor nach Anspruch 22, dadurch gekennzeichnet, dass er zusätzlich geeignete Restriktionsschnittstellen zur Insertion weiterer DNA-Sequenzen in einer solchen Anordnung enthält, dass sich ein Fusionsprotein aus Gleitklammerprotein und dem Expressionsprodukt der weiteren DNA-Sequenzen ergibt.

24. Vektor nach Anspruch 22 oder 23, dadurch gekennzeichnet, dass er geeignete, die Expression der DNA-Sequenz(en) steuernde Promotor- oder/und Operatorbereiche enthält.

25. Vektor nach Anspruch 24, dadurch gekennzeichnet, dass er mehrere Promotor- oder/und Operatorbereiche zur getrennten Expression mehrerer DNA-Sequenzen enthält.

26. Vektor nach einem der Ansprüche 22 bis 25, dadurch gekennzeichnet, dass er reprimier- und induzierbare Promotor- oder/und Operatorbereiche enthält.

27. Vektor nach einem der Ansprüche 22 bis 26, dadurch gekennzeichnet, dass er eine DNA-Sequenz nach Anspruch 21 enthält.

28. Wirtszelle, dadurch gekennzeichnet, dass sie mit einem oder mehreren Vektoren nach einem der Ansprüche 22 bis 27 transformiert ist.

29. Verfahren zur Herstellung eines thermostabilen in vitro-Komplexes gemäß einem der Ansprüche 1 bis 19 oder eines thermostabilen, akzessorischen in vitro-Komplexes gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, dass man eine entsprechende rekombinante DNA-Sequenz gemäß Anspruch 21 oder einen oder mehrere entsprechende Vek-

toren gemäß einem der Ansprüche 22 bis 27 in eine Wirtszelle einbringt, die Expression der Proteine bewirkt und diese aus dem Kulturmedium oder nach Zellaufschluss isoliert und gegebenenfalls noch mit weiteren Komplexbestandteilen koppelt.

30. Verwendung eines thermostabilen, akzessorischen in vitro-Komplexes nach Anspruch 20 zur Herstellung eines thermostabilen in vitro-Komplexes nach einem der Ansprüche 1 bis 19, dadurch gekennzeichnet, dass man den akzessorischen Komplex mit einer Polymeraseaktivität aufweisenden Elongationsprotein koppelt.

31. Verfahren zur Template-abhängigen Elongation von Nukleinsäuren, wobei die Nukleinsäure nötigenfalls denaturiert, mit mindestens einem Primer unter Hybridisierungsbedingungen versprochen wird, wobei der Primer komplementär zu einem flankierenden Bereich einer gewünschten Nukleinsäuresequenz des Template-Strangs ist und mit Hilfe einer Polymerase in Anwesenheit von Nukleotiden eine Primer-Elongation erfolgt, dadurch gekennzeichnet, dass als Polymerase ein thermostabiler in vitro-Komplex gemäß einem der Ansprüche 1 bis 19 verwendet wird.

32. Verfahren nach Anspruch 31, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Amplifikation von DNA-Sequenzen zwei die gewünschte Nukleinsäuresequenz flankierende Primer und Deoxynukleotide oder/und Derivate davon oder/und Ribonukleotide oder/und Derivate davon verwendet.

33. Verfahren nach Anspruch 32, dadurch gekennzeichnet, dass man eine Polymerase-Ketten-Reaktion durchführt.

34. Verfahren nach Anspruch 31, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Reversen-Transkription von RNA in DNA einen thermostabilen in vitro-Komplex gemäß einem der Ansprüche 1 bis 19 einsetzt, dessen Elongationsprotein Reverse-Transkriptase-Aktivität aufweist.

35. Verfahren nach einem der Ansprüche 31 bis 34, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Sequenzierung von Nukleinsäuren ausgehend von einem Primer, der zu einem der zu sequenzierenden Nukleinsäure benachbarten Bereich komplementär ist, eine Template-abhängige Elongation bzw. Reverse-Transkription unter Verwendung von Deoxynukleotiden und Dideoxynukleotiden oder deren jeweiligen Derivaten gemäß der Methode von Sanger durchführt.

36. Verfahren nach einem der Ansprüche 31 bis 35, dadurch gekennzeichnet, dass man bei der Elongation der Nukleinsäuren Markierungen einfügt.

37. Verfahren nach Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, dass man markierte Primer oder/und markierte Deoxynukleotide oder/und deren Derivate oder/und markierte Dideoxynukleotide oder/und deren Derivate oder/und markierte Ribonukleotide oder/und deren Derivate einsetzt.

38. Verfahren zur Markierung von Nukleinsäuren durch Erzeugung einzelner Brüche in Phosphodiesterbindungen der Nukleinsäurekette und Ersatz eines Nukleotids an den Bruchstellen durch ein markiertes Nukleotid mit Hilfe einer Polymerase, dadurch gekennzeichnet, dass als Polymerase ein thermostabiler in vitro-Komplex nach einem der Ansprüche 1 bis 19 eingesetzt wird.

39. Reagenzien-Kit zur Elongation oder/und Amplifikation oder/und Reversen-Transkription oder/und Sequenzierung oder/und Markierung von Nukleinsäuren, enthaltend in einem oder mehreren getrennten Behältern

a) einen thermostabilen in vitro-Komplex gemäß einem der Ansprüche 1 bis 19 oder

b) einen thermostabilen akzessorischen in vitro-Komplex gemäß Anspruch 20 und gegebenenfalls separat davon ein Polymeraseaktivität aufweisendes Elongationsprotein,

sowie gegebenenfalls Primer, Puffersubstanzen, Nukleotide, ATP, einen oder mehrere andere Kofaktoren oder/und Pyrophosphat.

40. Kit nach Anspruch 39, dadurch gekennzeichnet, dass er zur Amplifikation von Nukleinsäuren neben den Substanzen a) oder b), welche 5'-3'-Polymeraseaktivität aufweisen, Deoxynukleotide oder/und Derivate davon enthält.

41. Kit nach Anspruch 39, dadurch gekennzeichnet, dass er zur Reversen Transkription Substanzen a) oder b) enthält, welche Reverse Transkriptase-Aktivität aufweisen, sowie Deoxynukleotide oder/und Derivate davon.

42. Kit nach einem der Ansprüche 39 bis 41, dadurch gekennzeichnet, dass er zur Sequenzierung neben Deoxynukleotiden oder Ribonukleotiden oder/und deren Derivaten, Dideoxynukleotide oder/und deren Derivate enthält.

43. Kit nach einem der Ansprüche 39 bis 42, dadurch gekennzeichnet, dass er Primer oder/und Deoxynukleotide oder/und Dideoxynukleotide in markierter Form enthält.

Hierzu 15 Seite(n) Zeichnungen

- Leerseite -

Abbildung 1:

Komponenten des Elongations- holoenzymes	Eukaryota Homo sapiens	Archaeon Aeroboglobus Fulgidus (%Identität Alignmentlänge) ¹	Archaeon Methanococcus Jannaschii	Archaeon Pyrococcus Horikoshii (%Identität) ²	Archaeon Methanobact. Thermocautol.	Archaeon Pyrococcus Furiosus (%Identität) ²
Gleitzkamm- lad α I	AC11_HUMAN [SEQ ID NO:1]	AF2060 (39% 307) [SEQ ID NO:2]	MJ1422 (32% 173) [SEQ ID NO:3]	PHBN012 (39% 269) [SEQ ID NO:4]	MTH0241 (35% 317) [SEQ ID NO:5]	-----
	AC12_HUMAN [SEQ ID NO:32]	AF2060 (45%) [SEQ ID NO:2]				
	AC13_HUMAN [SEQ ID NO:33]	AF2060 (27%) [SEQ ID NO:2]				
	AC14_HUMAN [SEQ ID NO:34]	AF2060 (42%) [SEQ ID NO:2]				
Gleitzkamm- lad α II	AC15_HUMAN [SEQ ID NO:6]	AF1195 (29% 276) [SEQ ID NO:7]	MJ0884 (25% 571) [SEQ ID NO:8]	PHBN013 (23% 429) [SEQ ID NO:9]	MTH0240 (26% 308) [SEQ ID NO:10]	-----
Gleitzkamm- kopplende Untereinheit	PCNA_HUMAN [SEQ ID NO:11]	AF0335 (24% 257) [SEQ ID NO:12]	MJ0247 (25% 256) [SEQ ID NO:13]	PHLA008 (25% 245) [SEQ ID NO:14]	MTH1312 (28% 260) [SEQ ID NO:15]	-----
Elongationsprot. I (Polymrase)	DPD2_HUMAN [SEQ ID NO:16]	AF1790 (23% 211) [SEQ ID NO:17]	MJ0702 (19% 340) [SEQ ID NO:18]	PHBN023 (21% 401) ³ [SEQ ID NO:19]	MTH1405 (21% 265) [SEQ ID NO:20]	PFUORF2 (43% 378) ² [SEQ ID NO:21]
	DPOD_HUMAN [SEQ ID NO:22]	AF0497 (25% 742) [SEQ ID NO:23]	MJ0885 (28% 277) [SEQ ID NO:24]	PHBT047 (29% 439) [SEQ ID NO:25]	MTH1208 (26% 650) [SEQ ID NO:26]	-----
Elongationsprot. II (Pol. Aktivität)	-----	AF1722 [SEQ ID NO:27]	MJ1630 (50% 1160) ² [SEQ ID NO:28]	PHBN021 (47% 974) ² [SEQ ID NO:29]	MTH1536 (49% 1139) ² [SEQ ID NO:30]	PFUORF3 (50% 1198) ² [SEQ ID NO:31]

Abbildung 2:

Komponenten des Elongations- holoenzymes	Eubakteria Escherichia coli	Aquifex Aeolicus (%Identität Alignmentlänge) ¹
Gleitkammer	DP3B_ECOLI [SEQ ID NO:35]	AASEQ93 (28% 370) [SEQ ID NO:36]
Elongationsprotein	DP3A_ECOLI [SEQ ID NO:37]	AASEQ50 (37% 1154) [SEQ ID NO:38]

Abbildung 3:

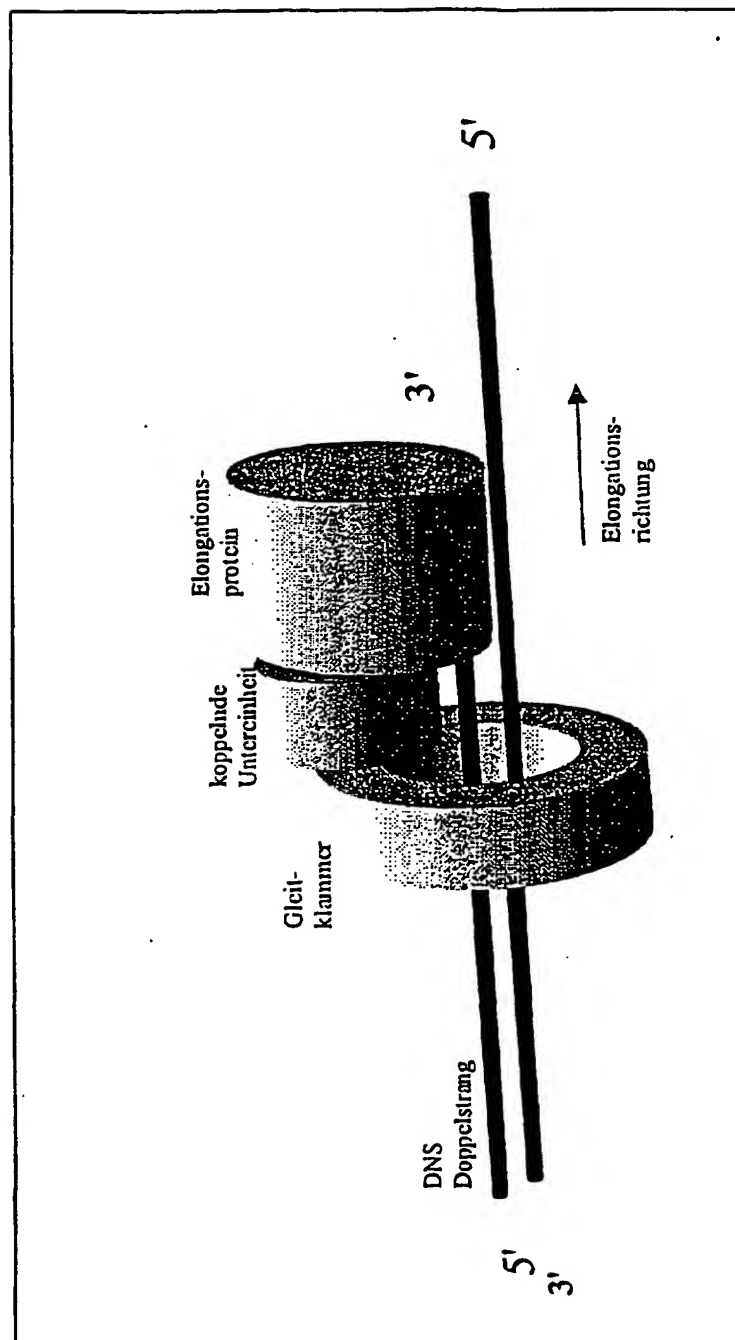


Abbildung 4:

Gleitklammer Region 1:

PCNA_HUMAN : MDSSHVSLVQLTLRSEGFDTYRCD
PCNA_METJA : MDP SHVALVSLEIPRLAFEEYEAD
MTH1312 : LDRSHITYVHLELKAELFDEYVCD
PHLA008 : MDPSRVVLIDLNLPS SIFSKYEVD
AF0335 : VDPANVAMVIVDIPKDSFEVYNID

Konsensus : \$DXXX\$XX\$X\$X\$XXXXFXXYXXD

Pattern : [GAVLIMPFW]-D-X-X-X-[GAVLIMPFW]-X-X-[GAVLIMPFW]-X-
[GAVLIMPFW]-X-[GAVLIMPFW]-X-X-X-X-F-X-X-Y-X-X-D

Gleitklammer Region 2:

PCNA_HUMAN : LKYYLAPKIE
PCNA_METJA : LTFL LAPRIE
MTH1312 : LSFL LAPRIE
PHLA008 : LTFL LAPRVE
AF0335 : VEYILAPRIE

Konsensus : \$XXXLAP&\$E

Pattern : [GAVLIMPFW]-X(3)-L-A-P-[KRHDE]-[GAVLIMPFW]-E

Abbildung 5:

Koppelnde Untereinheit:

PHBN023 : FLEWLNGYVESKEEEEIVSRIRYLIIAGDVVD
 PfuORF2 : FLEWLNGNVETKEEEEIVSRVKYLIIAGDVVD
 DPD2_HUMAN: LVDVVTGQLGDEGEQCSAAHVSRVILAGNLLS
 MTH1405 : FVKWINGDFGSEEQRSLAADVKYLVVAGDIVD
 AF1790 : FVRWLKGEVGGKKSQNLAEKVKYTVIAGDIVD
 MJ0702 : FIRFLNGDVDNELEEKVVSRLKYICIAGDLVD

Konsensus : F\$XX\$XGXXXXXXXXXXXXXX\$XY\$X\$AGD\$\$D
 L R N S

Pattern : [FL]-[GAVLIMPFW]-X-X-[GAVLIMPFW]-X-G-X(13)-[GAVLIMPFW]-X-
 [YR]-[GAVLIMPFW]-X-[GAVLIMPFW]-A-G-[DN]-[GAVLIMPFW]-[GAVLIMPFW]-[DS]

Abbildung 6:

Gleitklammerlader:

AC11_HUMAN : CNYLSKIIPALQSRCTRFRFGPL
 AF2060 : CNYVSRIIEPIQSRCAVFRFKPV
 MTH0241 : CNYSSKIIDPIQSRCAIFRFLPL
 PHBN012 : CNYSSKIIEPIQSRCAIFRFRPL
 MJ1422 : CNYPSKIIPPIQSRCAVFRFSPL

Konsensus : CNYXS&IIX\$\$QSRCXXFRFXP\$

Pattern : C-N-Y-X-S-[KRHDE]-I-I-X-[GAVLIMPFW]-[GAVLIMPFW]-Q-S-R-C-
 X-X-F-R-F-X-P-[GAVLIMPFW]

Abbildung 7:

Gleitklammerlader 2:

AC15_HUMAN : KAALLSGPPGVGKTTTASLV
 MJ0884 : KPILLVGPPGCGKTTLAYAL
 AF1195 : KPLLLAGPPGVGKTSALAL
 MTH0240 : KPLLLVGPPGTGKTTLAHII
 PHBN013 : KALLLAGPPGSGKTTTVYAL

Konsensus : KXXLLXGPPGXGKT\$X\$XX\$

Pattern : K-X-X-L-L-X-G-P-P-G-X-G-K-T- [STNQYC] -X- [GAVLIMPFW] -X-X-
 [GAVLIMPFW]

Abbildung 8:

Elongationprotein 1

DPOD_HUMAN : DVITGYNIQNFDLPYLISRA
 DPOL_ARCFU : DIIVGYNQDAFDWPYLRKRA
 MTH1208 : DILVGYNSDNFDFPYITRRA
 PHBT047 : DVIITYNGDNFDFPYLLKRA
 MJ0885 : DVIITYNGDNFDFPYLKARA

Konsensus : D\$XXYNXXXFDXPY\$XXRA

Pattern : D- [GAVLIMPFW] - [GAVLIMPFW] -X-X-Y-N-X-X-X-F-D-X-P-Y-
 [GAVLIMPFW] -X-X-R-A

Abbildung 9:

Elongationsprotein 2

AF1722 : AVRTAVAIMTEGVVAAPIEGIARVRI
 MJ1630 : AVRTALAVLTEGIVAAPLEGIADVKE
 PfuORF3 : AVRTALAILTEGIVSAPLEGIADVKE
 MTH1536 : ALRTALAILTEGVVAAPLEGIARVRI
 PHBN021 : AVRTALAILTEGVVSAPIEGIASVKE

Konsensus: A\$RTA\$A\$TEG\$VXAP\$EGIA\$V&I

Pattern : A-[GAVLIMPFW]-R-T-A-[GAVLIMPFW]-A-[GAVLIMPFW]-[GAVLIMPFW]-
 T-E-G-[GAVLIMPFW]-V-X-A-P-[GAVLIMPFW]-E-G-I-A-X-V-[KRHDE]-I

Abbildung 10:

Elongationsprotein (Eubakteria)

DP3A_ECOLI : VPVGPGRGSGAGSLVAYALKITDLDPLEFDLLFERFLNPERVSMPD
 DP3A_SALTY : VPVGPGRGSGAGSLVAYALKITDLDPLEFDLLFERFLNPERVSMPD
 BB0579 : IPVGAGRGSGAGSIVAYALRITDIDPLKYNLLFERFLNPERISMPD
 DP3A_HELPY : IPVGPGRGSAAGSLVAFALKITDIDPLKYDLLFERFLNPERISMPD
 AA50 : IPVGPGRGSAAGSLVAYAIGITDVPDKHGFLFERFLNPERVSMPD

Konsensus : \$PVG\$GRGSX\$GS\$VAXA\$XITD\$DP\$XXX\$LFERFLNPER\$SMPD

Pattern : [GAVLIMPFW]-P-V-G-[GAVLIMPFW]-G-R-G-S-X-[GAVLIMPFW]-G-S-
 [GAVLIMPFW]-V-A-X-A-[GAVLIMPFW]-X-I-T-D-[GAVLIMPFW]-D-P-[GAVLIMPFW]-X-
 X-X-[GAVLIMPFW]-L-F-E-R-F-L-N-P-E-R-[GAVLIMPFW]-S-M-P-D

Abbildung 11:

Gleitklammer (Eubakteria) Region 1:

AAPOL3B : KLVITGGKSTYKLPTAPAEDFP
DP3B_ECOLI : RMLVRSGRSRFSLSLTPAADFP
S.TYPHIM. : RMLVRSGRSRFSLSLTPAADFP
DP3B_PROMI : RLLVRSGRSRFSLSLTPASDFP
DP3B_PSEPU : KLLVKAGRSRFTLSTLPANDFP
DP3B_STRCO : RATVVCGSSRFTLHTLPVEEYP

Konsensus : &XX\$XXGX\$XXXLXT\$P\$X&XP

Pattern : [KRHDE]-X-X-[GAVLIMPFW]-X-X-G-X-S-X-X-X-L-X-T-
[GAVLIMPFW]-P-[GAVLIMPFW]-X-[KRHDE]-X-P

Gleitklammer (Eubakteria) Region 2:

AAPOL3B : IIMPMRV
DP3B_ECOLI : VVMPMRL
S.TYPHIM. : VVMPMRL
DP3B_PROMI : VVMPMRL
DP3B_PSEPU : VVMPMRL
DP3B_STRCO : LIMPVRL

Konsensus : \$\$MP\$R\$

Pattern : [GAVLIMPFW]-[GAVLIMPFW]-M-P-[GAVLIMPFW]-R-[GAVLIMPFW]

Abbildung 12:

```

          *          20          *          40          *
PCNA_HUMAN : LINEACWDISSSGVNLQSMDSHVSLVQLTLRSEGFDTYRCDRNLAMGVNLTSMKIL : 58
PCNA_METJA : LLDEICFEVDEEGIKASAMDP SHVALVSLEIPRLAFEEYEADS-HDIGIDLEAFKKVM : 57
MTH1312 : IVDEVQIQLSAEGLRLDALDRSHITYVHLELKAELFDEYVVCDEPERINVDTEELMKVL : 58
PHLA008 : LIDEAAFVTEEGISMRAMP SRVVLIDLNLPS SIFSKYEVDGEETIGVNM DHLKKVL : 58
AF0335 : LVSEARIHFLEKGLHSRAVD PANVAMVIVDIPKDSFEVYNIDE EKTIGVMDRIFDIS : 58

          60          *          80          *          100          *
PCNA_HUMAN : KCAGNEDIITLRAEDNADTLALVFEAPNQEKVSDYEMKLM DLDVEQLG--IPEQEYSC : 114
PCNA_METJA : NRAKAKDRILI ELD E EKNKLVIFENTG---KRKFS LALLDISASSVK--VPEIEYPN : 110
MTH1312 : KRAKANDRVILSTDEG-N-LIIQFEGEA---VRTFKIRLIDIEYETPS--PPEIEYEN : 109
PHLA008 : KRGKAKDTLILRK GEE-NFLEISLQGT A---TRTFRLPLIDVEEIEVE--LPDLPYTA : 110
AF0335 : KSISTKDLVELIVEDE-STLKVKFGSVE-----YKVALIDPSAIRKEPRIPELELPA : 109

          120          *          140          *          160          *
PCNA_HUMAN : VVKMPSGEFARICRDL SHIGDAVVISCAKDG VKFSASGELGNGNIKLSQTSNVDKEEE : 172
PCNA_METJA : VIMIKGDAFKEALKDADLFSDYVILKADEDKFVIHAKGDLNENEAIFEKDSSA----- : 163
MTH1312 : EFEVPPFQLLKDSIADIDIFSDKITFRVDEDRFIASAEGEFGDAQIEY----- : 156
PHLA008 : KVVVLGEVLKEAVKDA SLVSDSIKFMAKENEFIMRAEGETQOEVEVKLTLEDEG----- : 163
AF0335 : KIVMDAGEFKKAIAAADKISDQVIFRSDKEGFRIEAKGDVDSIVFHMT-ET----- : 159

          180          *          200          *          220          *
PCNA_HUMAN : AVTIEMNEPVQLTFALRYLNFFTKATPLSSTVTL SMSADVPLVVEYKIADM-GHLKYY : 229
PCNA_METJA : IISLEVKEEAKSAFNLDYLM DMVKGVS SGGDI IKIYLGNDMPLKLEYSIAG--VNLTF L : 219
MTH1312 : LHGERIDKPARSIYSLDKIKEMLKADKFSETAIINLGDDMPLKLT LKMASKEGELSFL : 214
PHLA008 : LLDIEVQEETKSAYGVSYLADMVKGIGKADEV TMRFGNEMPMQMEYYIRDE-GRLTF L : 220
AF0335 : ELIEFNGGEARSMSFVDYLKEFCKVAGSGDLLTIHLGTNYPVRLV FELVGGRAKVEYI : 217

PCNA_HUMAN : LAPKIED : 236
PCNA_METJA : LAPRIEG : 226
MTH1312 : LAPRIEA : 221
PHLA008 : LAPRVEE : 227
AF0335 : LAPRIES : 224

```

Abbildung 13:

		*	20	*	40	*	
AAPOL3B	:	MRVKVDREELEEVLKKARESTEKKAALPILANFLLSAKEENLIVRATDLENYLVVSVK	:	58			
DP3B_ECOLI	:	MKFTVEREHLKPLQOVSGPLGGRPTLPILGNLLQVADGTLSTGTDLEMEMVARVA	:	58			
S.TYPHIM.	:	MKFTVEREHLKPLQOVSGPLGGRPTLPILGNLLQVADGTLSTGTDLEMEMVARVT	:	58			
DP3B_PROMI	:	MKFIIEREQLLKPLQOVSGPLGGRPTLPILGNLLKVTTENTLSTGTDLEMEMMARVS	:	58			
DP3B_PSEPU	:	MHFTIQREALLKPLQLVAGVVERRQTLPVLSNVLLVVQGOQLSTGTDLEVELVGRVQ	:	58			
DP3B_STRCO	:	MKIRVERDVLAEAVAWAARSLPARPPAPVLAGLLLKAEEOQLSLSSFDYEV SARVSVE	:	58			
		60	*	80	*	100	*
AAPOL3B	:	GEVEEE-GEVCVHSQKLYDIVKNL-NSAYVYLHTEGEKLVITGGKSTYKLPAPAEDF	:	114			
DP3B_ECOLI	:	LVQPHEPGATTVPARKFFDICRGLPEGAELAVQLEGERMLVRSGRSRFSLSTLPAADF	:	116			
S.TYPHIM.	:	LSQPHEPGATTVPARKFFDICRGLPEGAELAVQLEGERMLVRSGRSRFSLSTLPAADF	:	116			
DP3B_PROMI	:	LSQSHIEGATTVPARKFFDIWRGLPEGAELSVELDGDRLLVRSGRSRFSLSTLPASDF	:	116			
DP3B_PSEPU	:	LEEPAEPGEITVPARKLMDICKSLPNDALIDIKVDEQKLLVKAGRSRFTLSTLPANDF	:	116			
DP3B_STRCO	:	AEIEEE-GTVLVSGRLLADISRAL-PNRPVEISTDGV RATVVCSSRFTLHTLPVEEY	:	114			
		120	*	140	*	160	*
AAPOL3B	:	PEFPEIVE-GGETLSGNLLVNGIEKVEYAIKKEEANIALQGMVLRGYEDRIHFVGS DG	:	171			
DP3B_ECOLI	:	PNLDDWQSEVEFTLPQATMKRLIEATQFSMAHQDVRYLNGMLFETEGEELRTVATDG	:	174			
S.TYPHIM.	:	PNLDDWQSEVEFTLPQATMKRLIESTQFSMAHQDVRYLNGMLFETEGSELRTVATDG	:	174			
DP3B_PROMI	:	PNLDDWQSEVEFTLPQATLKRLLIESTQFSMAHQDVRYLNGMLFETENTELRTVATDG	:	174			
DP3B_PSEPU	:	PTVEEGPGSLTCNLEQSKLRLIERTSFAMAQDVRYLNGMLLEVSRNTLRAVSTDG	:	174			
DP3B_STRCO	:	PALPQMPE-ATGTVPGEVFASAVQQAIAAGRDDTLPVLTGVRIEIEGDSVTLASTDR	:	171			
		180	*	200	*	220	*
AAPOL3B	:	HRLALYEPLGEFSKEL-----LIPRKS LKVLKKLITGIEDVNIKSE---DES FAYFS	:	221			
DP3B_ECOLI	:	HRLAVCSMPIGQSLPS--HSVIVPRKGVIELMRMLDG-GDNPLRVQI---GSNNIRAH	:	226			
S.TYPHIM.	:	HRLAVCSMPLEASLPS--HSVIVPRKGVIELMRMLDG-GENPLRVQI---GSNNIRAH	:	226			
DP3B_PROMI	:	HRLAVCAMDIGQSLPG--HSVIVPRKGVIELMRLLDGSGESLLQLQI---GSNNLRAH	:	227			
DP3B_PSEPU	:	HRLALCSMSAPIEQEDR-HQVIVPRKGILELARLLTD-PEGMVSVIL---GQHHIRAT	:	227			
DP3B_STRCO	:	YRFAVREFLWKPENPDISAVALVPAKTLQDTAKALTS GDQVILALSGSGAGEGLIGFE	:	229			
		240	*	260	*	280	*
AAPOL3B	:	TPEWKLAVRLLGEFDPDYM SVIPEEFSAEVLFETEEVLKVLKRLKALSEGKVFVVKIT	:	279			
DP3B_ECOLI	:	VGDFIFTSKLVDGRFPDYRRVLPKNPDKHLEAGCDLLKQAFARAAILSNEKFRGVRLY	:	284			
S.TYPHIM.	:	VGDFIFTSKLVDGRFPDYRRVLPKNPDKHLEAGCDILKQAFARAAILSNEKFRGVRLY	:	284			
DP3B_PROMI	:	VGDFIFTSKLVDGRFPDYRRVLPKNPTKTVIAGCDILKQAFSRAAILSNEKFRGVRIN	:	285			
DP3B_PSEPU	:	TGEFTFTSKLVDGKFPDYERVL PKGGDKLVVGDRQALREAFSRTA ILSNEKYRGIRLQ	:	285			
DP3B_STRCO	:	GAGRRTTTRLLEGDL PKYKTLFPTEFNSVAVIETAPFVEAVKRVALVA-ERNTPVRLS	:	286			
		300	*	320	*	340	
AAPOL3B	:	LSENLAIFEADPEFGAEAREEIEVEYTGEPFEIGFNGKYLMEALDAYDSERVWFKFTT	:	337			
DP3B_ECOLI	:	VSENQLKITANNPEQEEAEIILDVITYSGAEMEIGFNVSYVLDVLNALKCENVRMLT-	:	341			
S.TYPHIM.	:	VSENQLKITANNPEQEEAEIILDVSYGGTEMEIGFNVSYVLDVLNALKCETVRIMLT-	:	341			
DP3B_PROMI	:	LTNGQLKITANNPEQEEAEIIVDVQYQGEEMEIGFNVSYLLDVLNLTLCKEEVKLLLT-	:	342			
DP3B_PSEPU	:	LAAGQLKIQANNPEQEEAEIISVDYEGSSLEIGFNVSYLLDVLGVMTEQVRLILS-	:	342			
DP3B_STRCO	:	FEQGV LILEAGSSDDAQAVERVDAQLEGDDISIAFNPTFLLDGLSAIDSPVAQLSFTT	:	344			
		*	360	*	380		
AAPOL3B	:	---PDTATLLEAEDYEK-EPYKCIIMP MRV--	:	363			
DP3B_ECOLI	:	----DSVSSVQIEDAAS-QSAAYVVM PMRL--	:	366			
S.TYPHIM.	:	----DSVSSVQIEDAAS-QSAAYVVM PMRL--	:	366			
DP3B_PROMI	:	----DAVSSVQVENVAS-AAAAYVVM PMRL--	:	367			
DP3B_PSEPU	:	----DSNSSALLQEAGN-DDSSYVVM PMRL--	:	367			
DP3B_STRCO	:	STKPALLSGRPAVDAEAD EAYKYLIMPVRLSG	:	376			

Abbildung 14:

	*	20	*	40	*	60	
AC11_HUMAN	:	ICNYLSKIIPALQSRCTRFRFGPLTPELMVPRLEHVVEEEKVDISEDGMKALVTLSSGDM	:	60			
AF2060	:	SCNYVSRIIEPIQSRCAVFRFKVPVPKEAMKKRLLICEKEGVKITEDGLEALIYISGGDF	:	60			
MTH0241	:	SCNYSSKIIDPIQSRCAIFRFLPLKGHQIIKRLEYIAEKENLEYEAHALETIVYFAEGDL	:	60			
PHBN012	:	SCNYSSKIIEPIQSRCAIFRFRPLRDEDIAKRLRYIAENEGLELTEEGLQAILYIAEGDM	:	60			
MJ1422	:	NCNYPSKIIPPIQSRCAVFRFSPLKKEDIAKKLKEIAEKEGLNLTESGLEAIYVSEGDM	:	60			

	*	80	*	100	*	120	
AC11_HUMAN	:	RRALNILQSTNMAFGKVTEETVYTCTGHPLKSDIANILDWMLNQDFTTAYRNITELKTLK	:	120			
AF2060	:	RKAINALQGAAAIGEVVDADTIYQITATARPEEMTELIQTALKGNFMEARELLDRLMVEY	:	120			
MTH0241	:	RKAINLLQSAASLGEKITESSYDVVSRRAPKDVVKMIKTILDGKFMEARDMLREIMVLQ	:	120			
PHBN012	:	RRAINILQAAAALDKKITDENVFMVASRRAPEDIREMMLLALKGNFLKAREKLEILLKQ	:	120			
MJ1422	:	RKAINVLQTAAALSDVIDDEIVYKVSSRRAPPEEVKKMMELALDGKFMEARDLLYKLMVEW	:	120			

	*	
AC11_HUMAN	:	GLALHDILTEIHLFVHRVD : 139
AF2060	:	GMSGEDIVAQLFREIISMP : 139
MTH0241	:	GISGEDMVTQIYQELSRLA : 139
PHBN012	:	GLSGEDVLIQMHKEVFNLP : 139
MJ1422	:	GMSGEDILNQMFREINSLD : 139

Abbildung 15:

```

      *           20           *           40           *
AC15_HUMAN : LLWVDKYKPTSLKTIIGQQGDQSCANKLLRWLRNWQKSSSEDKKHAAKFGKFS GKDDG : 58
MJ0884      : LSWVEKYRPKSLKDVAG---HEKVKEKLKTWIESYLKGET----- : 37
AF1195      : MLWVEKYRPKTLEEVVA---DKSIITRVIKWAWSWKRG----- : 35
MTH0240     : MSWTEKYRPGSFDEVVG---NOKVIAEIKEWIKAWKAGKP----- : 37
PHBN013     : VPWIEKYRPRKLSEIVN---QEQALEKVRRAWIESWLHGNPPK----- : 39

      60           *           80           *           100           *
AC15_HUMAN : SSFKAALLSGPPGVGKTTTASLVCQELGYSYVELNASDTRSKSSLKAIVAESLNNTSI : 116
MJ0884      : --PKPILLVGPPGCGKTTLAYALANDYGFEVIELNASDKRNSSAIKKVVGHAATSSSI : 93
AF1195      : --SKPLLLAGPPGVGKTSALALANTMGWEAVELNASDQRSWRVIERIVGEGAFNETI : 91
MTH0240     : --QKPLLLVGPPGTGKTTLAHIIGKEFS-DTLELNASDRRSQDALMRSAEASATRS : 92
PHBN013     : --KKALLLAGPPSGKTTTVYALAHEYNFVIELNASDERTYNKIARYV-QAAYTMDI : 94

      120           *           140           *           160           *
AC15_HUMAN : KGFYSNGAASSVSTKHALIMDEVDGMAGNEDRGGIQELIGLIK-HTKIPIICMCNDRN : 173
MJ0884      : FG-----KKF-LITVLDEVDGISGKEDAGGVSELIKVIK-KAKNPIILTANDAY : 139
AF1195      : SDEGEF-LSSRIGKCLKLIILDEVNIHKEDVGGEAALIRLIKRPKPAQPLILIANDPY : 148
MTH0240     : FN-----HDLKLIILDEVDIHGNEEDRGGVQAINRIIK-ESRHPMVLTPANDPY : 139
PHBN013     : MG-----KRRKIIFLDEADNIE--P--SGAPEIAKLID-KARNPI IMAANYHW : 137

      180           *           200           *           220           *
AC15_HUMAN : HPKIRSLVHYCFDLRFQRPVEQIKGAMMSIAFKEGLKIPPPAMNEIILGANQDIRQV : 231
MJ0884      : APSIRSLPYVEVIQNLNPVHTNSVYKVLKIAEKEGLDVEDDKTLKMIAQHSAGDLRSA : 197
AF1195      : KLSP-ELRNLCEMINFKRLTKQQVARVLERIALKEGIVDKSVLLKIAENAGGDLRAA : 205
MTH0240     : SKRLQSIKPRCVLNLKRVHTSSIAAALRRICRAEGIECPDDVLRRELAKRSRGDLRSA : 197
PHBN013     : EVPK-EIRDRAELVEYKRLNQRDVISALVRILKREGITVPKEILTEIAKRSSGDLRAA : 194

      240           *           260           *           280           *
AC15_HUMAN : LHNLSMWCARSKALTQYDQAKADSHRAKDIKMGPFVDVARKVFAAGEETAHMSLVDKSD : 289
MJ0884      : INDLEALALSGDLSYEAQKLP----DRKREANIFDALRVILKTTHYGIATTALMN-- : 249
AF1195      : INDFQALAEAGEELKPEDVFLT---KRTQEKDIFRVMQMFKTKNPAVYNEAML--- : 256
MTH0240     : INDEAMAEGEERIGEELLKMG---EKDATSNLFDVAVRLKSRDVSQVREAMR--- : 248
PHBN013     : INDLQTVIAGG--YEDAKYVLA----YRDVEKTVFQSLGMVFSDDNAKRAKLALMN-- : 244

      300           *           320           *           340           *
AC15_HUMAN : LFFHDYSIAPLFVQENYIHVKPVAAGGDMKKHMLLSRAADSIDGDLVDSQIRSKQN : 347
MJ0884      : -----VDETPDVVIEWIAENVPKEYEKPEVARAFEYLSKADRYLGRVMRRQN--YSF : 300
AF1195      : -----LDESPEDVIHWVDENLPLEYSG-VELVNAYEALSRADIFLGRVRRRQF--YRL : 306
MTH0240     : -----VDDDPRTLVLFIENVPREYEKPNESRAYDMLSRADIFFGRAVTRN--YTY : 299
PHBN013     : -----LDMSPEDELLWVDENIPHYMLKPEEMARAYEAI SRADIYLGRAQRTGN--YSL : 295

      *           360           *           380           *           400
AC15_HUMAN : WSLPQAQAIYASVLPGLMRGYMTQFPTFPWLKGHSSTGKHDRIVQDLALHMSLRTY : 405
MJ0884      : WKYATTLMTAGVALSKDEKYRKWTPYSY-PKIFRLLTKTKAEREILNKILKKIGEKTH : 357
AF1195      : WKYASYLMTVGVOQMKEEPKKGFTYRR-PAVWQMLFQLRQKREMRKILEKIGKYSH : 363
MTH0240     : WRYASELMGPGVALAKDKTYRKVRYTG-SSSFRILGKTRKQSLRDSVAAKMAGKMH : 356
PHBN013     : WKYALDMMTAGVAVAGTK-KKGFAKFYP-PNTLKMLAESKEERSIRDSIIKKIMKEMH : 351

      *           420
AC15_HUMAN : SSKRTVNMDYLSLLR : 420
MJ0884      : TSSKRAR-FDLQMLK : 371
AF1195      : LSMRKARTEMFPVIK : 378
MTH0240     : ISPKVAI-SMFPYME : 370
PHBN013     : MSKLEAL-ETMKILR : 365

```

Abbildung 16:

```

      *           20           *           40           *
PHBN023 : IFEVEDQTD RVK VFLPKDSED-YREALKVL PDAVVA FKGVYSKRG- IFFANRFYLPDV : 56
PfuORF2 : IFEIEDLTGKV K VFLPKDSED-YREAFKVL PDAVVA FKGVYSKRG- ILYANKFYLPDV : 56
DPD2_HUMAN : -LVLEDELQRIK LKGTIDVSK-----LVTGTVLAVFGSVRDDGKFLVEDYCFADLA : 50
MTH1405 : IIELEDDTGEISVVVHNENHKLFEKSEKIVRDEVVGVHGTKKGR--FVVASEIFHPGV : 56
AF1790 : YIRLEDTTGTITCVATGKNAE---VARELLGDEVIGVTGLLKGS--SLYANRIVFPDV : 53
MJ0702 : IVRIEDTEATLILPKEKIEAGKIPDDILLDEVIGAIGTVSKSGSSIYVDEIRPAL : 58

      60           *           80           *           100           *
PHBN023 : PLYRK-QKPPLEEKVYAVLTSDIHVGSK--EFCEKAFIKFLEWLNGYVESKEEEEIVS : 111
PfuORF2 : PLYRR-QKPPLEEKVYAILISDIHVGSK--EFCENAFIKFLEWLNGNVETKEEEEIVS : 111
DPD2_HUMAN : PQKP--APP-LDTRFVLLVSGLGSGGGGGESLLGT-QLLVDTVVTGQLGDEGEQCSAA : 104
MTH1405 : PRIQ--EK---EMDFSVAFISDVHIGSQ--TFLEDAFMKFVKWINGDFGSEEQRSALAA : 107
AF1790 : PINGNEK---KRDFYIVFLSDTHFGSK--EFLEKEWEMFVRWLKGEVGGKKSQNLAE : 106
MJ0702 : PPKEP-KR--IDEEIYMAFLSDIHVGSK--EFLHKEFEKFI RFLNGDVDNELEEKVVS : 111

      120           *           140           *           160           *
PHBN023 : RIRYL IAGDVVD-GIGIYP-GQYSDLIIPDIFDQYEALANLLSNVP----KHITIFI : 163
PfuORF2 : RVKYLI IAGDVVD-GVGVYP-GQYADLTIPDIFDQYEALANLLSHVP----KHITMFI : 163
DPD2_HUMAN : HVS RVILAGNLLSHSTQSRDSINKAKYLT KKTQAASVEAVKMLDEILLQLSASVPVDV : 162
MTH1405 : DVKYL VVAGDIVD-GIGIYP-GQEKELLIRDIHEQYEEAARLFGDIR----SDIKIVM : 159
AF1790 : KVKYI VIAGDIVD-GIGVYP-GQEDDLAISDIYGQYEF AASHLDEIP----KEIKIIV : 158
MJ0702 : RLKYI CIAGDLVD-GVGVYP-GQEDDLYEVDIIEQYREIAMYLDQIP----EHISIII : 163

      180           *           200           *           220           *
PHBN023 : GPGNHDAARPAIPQPEFYEEYAKPLYKLKNTVIIISNPAVIRLHGRDFLIAHGRGIEDV : 221
PfuORF2 : APGNHDAARQAIPQPEFYKEYAKPIYKLKNAVIIISNPAVIRLHGRDFLIAHGRGIEDV : 221
DPD2_HUMAN : MPGEFDPTNYTLPQQPLHPCMFPLATAYSTLQLVTNPYQATIDGVRFLGTSGQNVSDI : 220
MTH1405 : IPGNHDSSRIAEPQPAIPEEYAKSLYSIRNIEFLSNPSLVSLDGVRTL IYHGRSFDDM : 217
AF1790 : SPGNHDAVRQAEPQPAFEGEI-RSLFP-KNVEHVGNPAYVDIEGVKVL IYHGRSIDDI : 214
MJ0702 : SPGNHDAVRPAEPQPKLPEKITKLFNR-DNIYFVG N PCTLN IGHFDTLLYHGRSFDDL : 220

      240           *           260           *           280           *
PHBN023 : VSFVPGLTHHKPGLPMVELLKMRHLAPT FGGKVPIAPDPE-DLLVIEEVPDLVQM GHV : 278
PfuORF2 : VGSVPGLTHHKPGLPMVELLKMRHVAPMFGGKVPIAPDPE-DLLVIEEVPDVVHMGHV : 278
DPD2_HUMAN : FRY S---SMEDHLEILEWTLRVRHISPTAPDTLGCYPFYKTDPFIFPEC PHVYFCGNT : 275
MTH1405 : AMSVNLGSHERSDLIMEELLEKRHLAPIYGERTPLASEIE-DHLVIDEVPHVLHTGHV : 274
AF1790 : ISKIPRLSYDEPQK VMEELLKRRHLSPIYGGRTPLAPERE-DYLVIDEVPDILHCGHI : 271
MJ0702 : VGQIRAA SYENPVTIMKELIKRRLCPTYGGRCPIAPEHK-DYLVIDRDIDILHTGHI : 277

      300           *           320           *
PHBN023 : HVYDTAVYRG-----VQLVNSATWQAQTEFQKMVNIVPTPGLVPIVD : 320
PfuORF2 : HVYDAVVYRG-----VQLVNSATWQAQTEFQKMVNIVPTPAKVPVVD : 320
DPD2_HUMAN : PSFGSKIIRGPEDQTVLLVTVPDF-SATQTA CLVNLR-SLACQPISF : 320
MTH1405 : HINAYKKYKG-----VHLINSGTFQSQTEFQKIYNIVPTCGQVPVLN : 316
AF1790 : HTYGTGFYRG-----VFMVNSSTWQAQTEFQKKVNLNPM PGNAVYR : 313
MJ0702 : HINGYGIYRG-----VFMVNSGTFQEQTDFQKRMGISPTPAIVPIIN : 319

```

Abbildung 17:

```

          *          20          *          40          *
DPOD_HUMAN : KVQSYEKEEDLLQAWSTFIRIMDPDVITGYNIQNFDDLPLYLSRAQTLKVQTFPFLGRV : 58
DPOL_ARCFU : EIILTGDERKIIISDFVKLIKSYPDIIVGYNQDAFDWPYLRKRAERWNIPLD--VG-- : 54
MTH1208 : FVEVVEDERELLERFAETVIDKKPDILVGYNSDNDFDPYITRRAILGAELD--LG-- : 54
PHBT047 : YVEVVSSSEREMIKRLIRVIKEKDPDVIIITYNGDNFDFPYLLKRAEKLGIKLL--LG-- : 54
MJ0885 : NIEVVKNKELIKIIETLKEY--DVIITYNGDNFDFPYLKARAKIYGIDIN--LG-- : 52

```

```

          60          *          80          *          100          *
DPOD_HUMAN : AGLCSNIRDSSFQSKQTGRDRTKVVSVMVGRVQMDMLQVLLREYKLRSHTLNAVSEHFL : 116
DPOL_ARCFU : -----RDGSNVVFRGG-----RPKITGRNLVDLYDIAMRISDIKIKKLENVAEFLG : 100
MTH1208 : -----WDGSKIRTMRRG-FANATAIKGTVHVDLYPVMRRYMNLDRYTLERVYQELF : 104
PHBT047 : -----RDNSEPKMQKMG-DSLAVEIKGRIHFDLFPVIRRTINLPTYTLEAVYEAIF : 104
MJ0885 : -----KDGEELKIKRGG-MEYRSYIPGRVHIDLYPISRLLKLTKYTLEDVVYNLF : 102

```

```

          120          *          140          *          160          *
DPOD_HUMAN : GEQKE-DVQHSIITDLQNGNDQTRRLAVYCLKDAYLPLRLLERLMVLVNAVEMARVT : 173
DPOL_ARCFU : TKIEIADIEAKDIYRYWSRGE--KEKVLNYARQDAINTYLIK--ELLPMHYELSKMI : 154
MTH1208 : GEEKI-DLPGDRLWEYWDREL-RDELFRYSLDDVVATHRIAE--KILPLNLELTRLV : 158
PHBT047 : GKPKE-KVYADEIAKAWETGEG-LERVAKYSMEDAKVTYELGR--EFFPMEAQLARLV : 158
MJ0885 : GIEKL-KIPHTKIVDYWANND---KTLIEYSLQDAKYTYKIGK--YFFPLEVMFSRIV : 154

```

```

          180          *          200          *          220          *
DPOD_HUMAN : GVPLSYLLSRGQOVKVVSQLLRQAMHEGLLMPVVKSE-----GGEDYTGATVIEPLK : 225
DPOL_ARCFU : RLPVDDVTRMGRGKQVDWLLSEAKKIGEIAPNPPE-----HAESYEGAFVLEPER : 205
MTH1208 : GQPLFDISRMTGQQAEWFLVRKAYQYGELVPNKPQSQDFSSRRGRRAVGGYVKEPEK : 216
PHBT047 : GQPVWDVSRSSGTGNLVEWFLLRKAYERNELAPNKPDEKEYERRRLRESYEGGYVKEPEK : 216
MJ0885 : NQTPFEITRMSSGQMVEYLLMKRAFKENMIVPNKPDEEYRRRVLTITYEGGYVKEPEK : 212

```

```

          240
DPOD_HUMAN : GYYDVPIATLDFS : 238
DPOL_ARCFU : GLHEN-VACLDFA : 217
MTH1208 : GLHEN-IVQFDFR : 228
PHBT047 : GLWEG-IVSLDFR : 228
MJ0885 : GMFED-IISMDFR : 224

```

Abbildung 18:

		*	20	*	40	*	60	
AF1722	:	DTIKGVKGMTSKTKIPERLEK	GILRVKHGVFVKDGTARFDATDLP	ITHFKPAEIGVSVEKLR	:	63		
MJ1630	:	GDVKCIKGMTSKQKIVEPLEKAILRAINEVYVFKDGTTRFDCTDVPVTHFKPNEINVTVEKLR	:	63				
PfuORF3	:	DKLKGVMGMTSGWKIAEPELEKGLLRKNEVYVFKDGTIRFDATDAPITHFRPREIGVSVEKLR	:	63				
MTH1536	:	DEIKGVEGMISAEKFPEPELEKILRAKNDVYTFKDATIRHDSIDLPLTHFTPREVGVSVERLR	:	63				
PHBN021	:	DKLKGVMGMTSGWKMPPELEKGLLRKNDVYVFKDGTIRFDATDAPITHFRPREIGVSVEKLR	:	63				

		*	80	*	100	*	120	
AF1722	:	ELGYERDYKGAELKNENQIVELKPQDVILPKSGAEYLLRVANFIDDLVVKFYKMEPFYNAKSV	:	126				
MJ1630	:	ELGYDKDIYGNELVDGEQVVELKPQDVIIIPESCAEYFVKVANFIDDLLEKFKYKVERFYNVKKK	:	126				
PfuORF3	:	ELGYTHDFEGKPLVSEDQIVELKPQDVILSKEAGKYLLRVARFVDDLLEKFYGLPRFYNAEKM	:	126				
MTH1536	:	ELGYTRDCYGDELEDEDQILELRVQDVVISEDADYLVRVANFVDDLLERFYDLERFYNVKTR	:	126				
PHBN021	:	ELGYTHDFEGNPLVSEDQIVELKPQDIILSKEAGKYLLKVAKFVDDLLEKFYGLPRFYNAEKM	:	126				

		*	140	*	160	*		
AF1722	:	EDLIGHLVIGLAPHTSAGVLGRIIGFSDVLAGYAHYPYFHAAKRR	:	170				
MJ1630	:	EDLIGHLVIGMAPHTSAGMVGRIIGYTKANVGYAHYPYFHAAKRR	:	170				
PfuORF3	:	EDLIGHLVIGLAPHTSAGIVGRIIGFVDALVGYAHYPYFHAAKRR	:	170				
MTH1536	:	EDLVGHLIAGLAPHTSAAVLGRIIGFTGASACYAHYPYFHSARR	:	170				
PHBN021	:	EDLIGHLVIGLAPHTSAGIVGRIIGFVDALVGYAHYPYFHAAKRR	:	170				

Abbildung 19:

		*	20	*	40	*	60	
DP3A_ECOLI	:	ELQVINQMGPFGYFLIVMEFIQWSKDNQVPGPGRGSGAGSLVAYALKITDLDPLEFDLL	:	60				
DP3A_SALTY	:	ELQVINQMGPFGYFLIVMEFIQWSKDNQVPGPGRGSGAGSLVAYALKITDLDPLEFDLL	:	60				
BB0579	:	ELSVIIGMGFEGYFLIVWDFIKFAHDNDIPVGAGRGSGAGSIVAYALRITDIDPLKYNNL	:	60				
DP3A_HELPY	:	EIEVITNMKFPGYMLIVWDFIRYAKEMGIPVGPGRGSAAGSLVAFALKITDIDPLKYDLL	:	60				
AA50	:	ELEVINKMGFAGYFLIVQDFINWAKNDIPVGPGRGSAAGSLVAYAIGITDVPDIKHGFL	:	60				

		*	80	*	100	*	120	
DP3A_ECOLI	:	FERFLNPERVSMDFDVFDFCMEKRDQVIEHVADMYGRDAVSQIITFGTMAAKAVIRDVGR	:	120				
DP3A_SALTY	:	FERFLNPERVSMDFDVFDFCMEKRDQVIEHVADMYGRDAVSQIITFGTMAAKAVIRDVGR	:	120				
BB0579	:	FERFLNPERISMPDFDIDDFCEGRDEIIKYVTNKYGEDKVAQIITFGTLKPKAVVKDVAR	:	120				
DP3A_HELPY	:	FERFLNPERISMPDIDTDFCQRRRKEIIIEYMIIEKYGKYNVAQVITFNKMLAKGVIRDVAR	:	120				
AA50	:	FERFLNPERVSMDFDVFDFCQDNREKVIIEYVRNKYGHNDVAQIITYNVMAKQTLRDVAR	:	120				

		*						
DP3A_ECOLI	:	VLGHPYGFVDRISKLIIP	:	138				
DP3A_SALTY	:	VLGHPYGFVDRISKLVPP	:	138				
BB0579	:	VLDIPFAESNELTKFIPD	:	138				
DP3A_HELPY	:	VLDMPYKEADDFAKLIPN	:	138				
AA50	:	AMGLPYSTADKLAKLIPQ	:	138				

A thermostable in vitro polymerase complex for template-dependent elongation of nucleic acids in amplification or reverse transcription methods

Patent Number: DE19840771
Publication date: 2000-02-10
Inventor(s): KOBER INGO (DE); MOECKEL GERD (DE); VOSS HARTMUT (DE); KILGER CHRISTIAN (DE)
Applicant(s): LION BIOSCIENCE AG (DE)
Requested Patent: ☐ DE19840771
Application Number: DE19981040771 19980907
Priority Number(s): DE19981040771 19980907; DE19981035653 19980806
IPC Classification: C12N9/12; C07K19/00; C12P19/34; C12N15/62; C12N15/63; C12Q1/68
EC Classification: C07K14/195, C12N9/12B7B7, C12N9/12B7B49
Equivalents:

Abstract

A thermostable in vitro complex for template-dependent elongation of nucleic acids comprises a thermostable sliding clamp protein, which is connected with an elongation protein that shows thermostable polymerase activity is new. Independent claims are also included for the following: (1) a thermostable accessory in vitro complex characterized in that it contains a sliding clamp protein and a coupling protein, as defined above; (2) a recombinant DNA sequence, which encodes a thermostable in vitro complex or a thermostable accessory complex; (3) a vector that contains recombinant DNA encoding a sliding clamp protein and a coupling protein and/or an elongation protein; (4) a host cell transformed with one or more vectors of (3); (5) a method for the production of a thermostable in vitro complex or thermostable in vitro accessory complex as above; (6) a method for template-dependent elongation of nucleic acids; (7) a method of marking nucleic acids through generating a single break in the phosphodiester bond of the nucleic acid chain and substituting a nucleotide at the break site with a marked nucleotide with the help of a polymerase, where the polymerase is a thermostable in vitro complex as above; and (8) a reagent kit for elongation and/or amplification and/or reverse-transcription and/or sequencing and/or marking of nucleic acids.

Data supplied from the esp@cenet database - I2